

Идентификация структуры биоинформационных технологий в парадигме качества информационных систем

Цель исследования. Целью исследования является анализ условий эффективного преподавания биоинформационных технологий в парадигме качества информационных систем с применением электронно-образовательных средств, а также компетентно-деятельностного подхода в учебном процессе вуза. Актуальность темы определяется необходимостью развития качества учебного процесса и улучшению качества подготовки специалистов в области информационных технологий и систем. Предметом исследования является идентификация и анализ свойств структуры биоинформационных технологий в контексте обеспечения качества преподавания информационных технологий и систем. Объектом исследования выбран процесс подготовки бакалавров по направлению «бизнес-информатика», направленность «Прикладная информатика в гуманитарной сфере», магистров по направлению «Прикладная информатика», направленность: «Управление данными и знаниями в компьютерных сетях».

Материалы и методы исследования. В статье выполнен анализ свойств биоинформационных технологий. Изложены материалы применения электронно-образовательных ресурсов в учебном процессе в аспекте компетентно-деятельностного подхода в улучшении профессиональных компетенций студентов. В работе использован набор методов исследования в рамках методологии биоинформационных технологий. Выполнен комплекс концептуальных, формализованных и компьютерных моделей, в частности, структурно-параметрический синтез. Метод реализован посредством построения модулей, нацеленных на выполнение последовательного распознавания свойств биоинформационных технологий.

Результаты. По результатам выполненных исследований установлена эффективность анализа свойств биоинформационных технологий в парадигме качества информационных систем и улучшения образовательного процесса по комплексу

информационных дисциплин. Включение класса биоинформационных технологий в образовательный процесс расширяет и уточняет парадигму качества информационных технологий и систем и методологию их развития. Данное условие улучшает представление компетентно-деятельностного подхода с учетом перспективных требований к подготовке специалистов. **Заключение.** Эффективность подготовки ИТ-специалистов в вузах страны в значительной мере зависит от необходимости рассмотрения в образовательном процессе широкого класса информационных технологий. В этой связи следует констатировать о недостаточном внимании к биоинформационным технологиям. Особую значимость в развитии компетентно-деятельностного подхода составляет условие рассмотрения свойств биоинформационных технологий в парадигме качества информационных систем. Возникает необходимость решения задач идентификации свойств биоинформационных технологий и их последующего синтеза с позиций требований, предъявляемых к качеству информационных систем. Решение задач выполняется на основе структурно-параметрического синтеза биоинформационных технологий. Синтез выполняется посредством реализации структурных модулей системы синтеза. Такой подход обеспечивает активизацию работы студентов по освоению профессиональных компетенций, улучшить успеваемость, уровень качества курсовых и выпускных квалификационных работ с учетом перспективных требований к качеству подготовки ИТ-специалистов в Институте информационных технологий и безопасности Российского государственного гуманитарного университета.

Ключевые слова: биоинформационные технологии, идентификация структуры, измерение и оценка качества, технология функционирования, методология биоинформационных технологий

Georgy N. Isaev, Andrey A. Roganov

Russian State University for the Humanities, Moscow, Russia

Identification of the structure of bioinformation technologies in the paradigm of the quality of information systems

Purpose of the study. The purpose of the study is to analyze the conditions for the effective teaching of bioinformation technologies in the paradigm of the quality of information systems using electronic educational tools, as well as the competence-activity approach in the educational process of the university. The relevance of the topic is determined by the need to develop the quality of the educational process and improve the quality of training of specialists in the field of information technologies and systems. The subject of the study is the identification and analysis of the properties of the structure of bioinformation technologies in the context of ensuring the quality of teaching information technologies and systems. The object of the study was the process of preparing bachelors in the direction of "Business Informatics", focusing on "Applied Informatics in the Humanitarian Sphere", masters in the direction of "Applied Informatics", focusing on: "Data and Knowledge Management in Computer Networks".

Materials and Research Methods. The article analyzes the properties of bioinformation technologies. The materials of the use of electronic educational resources in the educational process in the aspect of the competence-activity approach in improving the professional competencies of students are presented. The work used a set of research methods in the framework of the methodology of bioinformation technologies. A complex of conceptual, formalized and computer models has been completed, in particular, structural and parametric synthesis. The method is implemented by constructing modules aimed at performing consistent recognition of the properties of bioinformation technologies. **Results.** Based on the results of the studies, the effectiveness of the analysis of the properties of bioinformation technologies in the quality paradigm of information systems and the improvement of the educational process in a set of information disciplines has been specified. The inclusion of a class of bioinformation technologies in the educational process expands and refines the quality paradigm

of information technologies and systems and the methodology for their development. This condition improves the representation of the competency-based approach, taking into account the prospective requirements for the training of specialists.

Conclusion. The effectiveness of training IT specialists at universities in the country largely depends on the need to consider a wide class of information technologies in the educational process. In this regard, it should be noted that insufficient attention is paid to bioinformatics technologies. The condition for considering the properties of bioinformatics technologies in the quality paradigm of information systems is of particular importance in the development of the competence-activity approach. There is a need to solve the problems of identifying the properties of bioinformatics technologies and their subsequent synthesis from the standpoint of the requirements for

the quality of information systems. Problem solving is based on the structural and parametric synthesis of bioinformatics technologies. Synthesis is performed through the implementation of the structural modules of the synthesis system. This approach ensures the activation of students' work on the development of professional competencies, to improve academic performance, the level of quality of term and graduate qualification final projects, taking into account promising requirements for the quality of training of IT specialists at the Institute of Information Technology and Security of the Russian State Humanitarian University.

Keywords: bioinformatics technologies, structure identification, quality measurement and assessment, functioning technology, bioinformatics technology methods

Введение

Развитие парадигмы качества информационных систем (ИС) невозможно без учета максимального спектра видов информационных технологий и систем [1]. В этом плане представляет особую актуальность идентификация биоинформационных технологий (БИТ), особенно в части методологии построения их структуры и технологии функционирования. Особую актуальность этот и другие вопросы биоинформационных технологий имеют в организации преподавания в вузах биоинформатики, в частности, при разработке учебных планов, программ учебных дисциплин, определенных видов учебно-методической документации.

Следует отметить, что в настоящее время уже имеется определенный теоретический и практический арсенал методов и средств решения задач в области биоинформационных технологий. В работе В.А. Хачатряна рассмотрены задачи выявления биоинформационных возможностей обновления человеческого организма на биоинформационном уровне [2]. В работе [3] рассмотрены вопросы, относящиеся к системному представлению биоинформатики. Биоинформатика рассматривается как эффективный метод в решении определенного класса научных задач [4]. Биоинформационный анализ белковых сетей применяется для эксперимен-

тальных решений биологов [5]. В контексте биоинформатики для обоснования решений имеются работы В.Д. Лахно по созданию биологической математики [6,7]. При наличии достаточного исходного материала по теории и практики рассматриваются пути развития и перспективы биоинформатики [8]. Рассматриваются подходы к решению задач экологического пространства с позиций биоинформационных технологий [8]. С целью унификации доступа к информационным ресурсам в области биоинформатики разрабатываются специальные системы генерации web-сервисов [10].

Особую значимость в проблематике биоинформационных технологий представляют исследования в области генетики [11–14]. Специфические задачи всегда были интересны для исследователей своей оригинальностью. Одно из подобных явлений – перекрывающиеся гены, открытые в 1976 году, становятся объектом применения математических методов в исследованиях. Главная задача состояла в анализе потенциала генетического кода. По результатам решения задачи выявлено в структуре генетического кода неизвестное свойство генетического кода. Изучение этого свойства обусловило создание нового способа идентификации общего свойства всех известных в настоящее время природных кодов. В статье М.А. Каменской рассмотрены вопросы

задействования биоинформатики в общем цикле информационных дисциплин учебных планов вузов. [15].

Несмотря на широкий спектр имеющихся работ, рассматривающих методы, средства и технологии биоинформатики, в частности, вопросы биоинформационных технологий, отсутствует рассмотрение задач относительно методологии идентификации структуры биоинформационных технологий в контексте требований к ним со стороны качества информационных систем, как одному из значимых аспектов улучшения качества преподавания информационных технологий и систем в вузах страны.

Целью данной статьи является рассмотрение подхода к методологии идентификации структуры биоинформационных технологий в парадигме качества информационных систем, как одному из актуальных вопросов в образовательной, научной и практической деятельности.

Методология идентификации структуры биоинформационных технологий должна учитывать принципы создания, эксплуатации и развития биоинформационных технологий, логику их организации, методы и средства решения задач биоинформационных технологий и др. При данном условии возможно эффективное решение задач биоинформационных технологий. Кроме того, подобный подход может обеспечить выделение спец-

и физических свойств биоинформационных технологий и адекватное представление их структуры.

Методологические аспекты идентификации структуры биоинформационных технологий

Эффективность решения задач по созданию биоинформационных технологий и их компонентов в методологическом плане в значительной мере определяется принятием и обозначением парадигмы биоинформационных технологий в контексте качества информационных систем (рис.1).

С позиций качества биоинформационных технологий и информационных систем парадигма представляет собой сложную многоуровневую иерархическую систему соподчиненных категорий. К примеру, понятийный аппарат имеет подкатегории общих и частных понятий, условия и методику формирования и др. Структу-



Рис.1. Структура парадигмы биоинформационных технологий

ра биоинформационных технологий включает в себя подкатегории обеспечивающей и функциональной частей, каждая из этих частей имеет свои подкатегории, компоненты. Свойства биоинформационных технологий включают такие подкатегории как-то: семантические, синтаксические, прагматические. Относительно закономерностей процессов необходимо предусматривать действие теоретических, динамических и статистических законов. Определенную значимость в общем комплексе задач имеет эволюция биоинформационных технологий. В эволюции рассматриваются,

в основном две подкатегории – генезис и развитие биоинформационных технологий. В рамках генезиса предусматривается идентификация внутренних и внешних причин возникновения биоинформационных технологий. Относительно эволюции анализу подлежат задачи системного, функционального, структурно-параметрического развития и др.

Такие категории парадигмы как-то методы и средства в определенной мере пересекаются с методологией совершенствования биоинформационных технологий, структуру которой можно ото-



Рис.2. Структура методологии совершенствования биоинформационных технологий

бразить основными компонентами – принципы, логика организации, методы и средства биоинформационных технологий (рис. 2).

С позиций системного подхода следует учитывать полностью состава компонентов, универсальные и специфические принципы построения изучаемых объектов [16]. К универсальным принципам создания, эксплуатации и развития биоинформационных технологий можно отнести довольно широкий набор, прежде всего, это принципы адекватности, полноты, системности, развития, самоорганизации и др.. Укажем вкратце содержание некоторых указанных здесь принципов.

Принцип адекватности означает, прежде всего, необходимость достоверного отображения процессов по проектированию структуры биоинформационных технологий. В значительной мере это относится к построению системы обработки данных и реализации эффективной системы контроля достоверности данных на всех этапах разработки, эксплуатации и развития структурных компонентов биоинформационных технологий. Принцип системности предполагает рассмотрение структурных компонентов биоинформационных технологий и способы их взаимосвязи на внутреннем и внешнем уровнях. На внутреннем уровне рассматривается многообразие связей между компонентами биоинформационных технологий. Особое внимание должно уделяться вопросам совместимости частей структуры, обеспечения целостности, функциональной устойчивости структуры биоинформационных технологий. На внешнем уровне необходимо рассматривать формы и способы взаимосвязи с вышестоящими и равностоящими системами. Четко обусловленные взаимосвязи являются залогом эффек-

тивного функционирования биоинформационных технологий в общей системе управления. Принцип самоорганизации направлен на улучшение свойств и функционирование структуры биоинформационных технологий. Необходимо предусмотреть способность биоинформационных технологий к самоанализу отклонений от заданной программы функционирования и адекватной коррекции заданной программы.

Определенную сложность имеет идентификация специфических принципов биоинформационных технологий. Например, принцип эффективности с позиций качества функционирования биоинформационных технологий будет значительно отличаться по методике реализации этого принципа. Это относится, прежде всего, к объекту регистрации (сканирования) информации. Для данного класса информационных технологий сканирование и последующая обработка данных выполняется по свойствам биологических видов – людей, животных, насекомых [17]. Для определения методики измерения этих свойств необходимы специальные приборы, шкалы, формулы и алгоритмы по измерению и выполнению расчетов эффективности. Относительно принципа формализации следует отметить следующее. В рамках, например, моделирования структуры биоинформационных технологий имеется значительное различие между методами и средствами моделирования биологических видов и объектов «неживой» природы – зданий, оборудования, финансов и др.

Логика организации и выполнения задач относительно структуры биоинформационных технологий предусматривает решение следующих компонентов: целеориентирование, задачи, функции, структура, технология функциони-

рования, критерии, нормы, правила. Относительно структуры необходимо обозначить обеспечивающую и функциональную части структуры, предусмотренных нормативными документами [18]. Кроме того, следует определить методы и средства в арсенале методологии идентификации структурных компонентов биоинформационных технологий. Относительно методов решения задач биоинформационных технологий может быть применен широкий набор методических средств. Метод моделирования в задачах развития биоинформационных систем потенциально предусматривает задействование дескриптивных формальных и экспериментальных методов. К дескриптивным методам относятся анализ и синтез, классификация, индукция и дедукция, структурно-параметрический синтез и др. Формальные методы включают графические и математические методы. Последние, в свою очередь, могут базироваться на средствах математической логики, теории множеств, теории массового обслуживания, теории графов, математической статистики и др. Относительно математической статистики могут быть применены следующие виды анализа статистических данных – корреляционный, факторный, регрессионный, кластер-анализ и др. В части экспериментальных методов могут применяться системные и частные физические и машинные модели (реализация посредством ЭВМ) совершенствования биоинформационных технологий.

Одним из эффективных методов исследования и развития биоинформационных технологий представляется метод структурно-параметрического синтеза [1]. С учетом сущности биоинформационных технологий и методологических условий построим обобщен-

ную схему синтеза систем биоинформационных технологий (рис. 3). Синтез систем биоинформационных технологий можно представить совокупностью модулей. Каждый модуль реализует определенный уровень синтеза. Первый уровень представляет собой модуль идентификации структуры биоинформационных технологий.

Идентификация может быть выполнена заданием морфологического множества, в частности, классификацией в виде рисунка или таблицы. Морфологическое множество можно упорядочить различными способами, создавая системы классификационных признаков. Этот модуль идентифицирует структуру биоинформационных технологий, но не обеспечивает получение его спецификации.

Второй модуль является отображением морфологического множества уровня спецификации и содержит специ-

фикации различных структур рассматриваемого систем биоинформационных технологий. Применив в задаче синтеза первый модуль, можно идентифицировать биоинформационные технологии, определив значения его классификационных признаков. Но такая модель не содержит параметрическую информацию о структуре идентифицированной системы биоинформационных технологий. Для формирования структуры биоинформационных технологий необходим набор базовых параметризованных моделей, представляющий собой множество спецификаций базовых структур. По условию соединения 1-го модуля с набором параметризованных моделей, а также компиляции – задания и реализации правил генерации спецификации биоинформационных технологий по идентификатору биоинформационной технологии, может быть получена модель на новом

уровне синтеза. Модель содержит необходимую информацию о морфологическом множестве и позволяет получить спецификацию структуры соответствующей системы биоинформационных технологий.

Третий модуль представляет уровень имитации или универсальных моделей. В этом модуле модель морфологического множества дополнена функциональной моделью. В решении задач биоинформационных технологий, кроме возможности формирования структуры, должна быть обеспечена возможность формирования системы уравнений, описывающей процессы биоинформационных технологий. Таким образом, в схеме синтеза должен быть предусмотрен уровень, который бы обеспечивал не только всесторонний анализ структуры биоинформационных технологий, но и функциональный. Такая модель будет обобщенной моделью биоинформационных технологий, имитирующей функционирование системы биоинформационных технологий с применением средств компьютерного моделирования.

Третий модуль должен обеспечивать всесторонний анализ различных систем биоинформационных технологий. Однако структурно-параметрический синтез биоинформационных технологий будет возможен при условии модуля, обеспечивающего такой алгоритм. Поскольку пока отсутствуют универсальные алгоритмы, позволяющие проводить такой синтез, поэтому целесообразно использовать различные решения других предметных областей. При условии обогащения третьего модуля знаниями задания на синтез и решениями, применяемыми при проектировании систем биоинформационных технологий, то получим четвертый модуль.

Четвертый модуль реализует процессы интеграции и

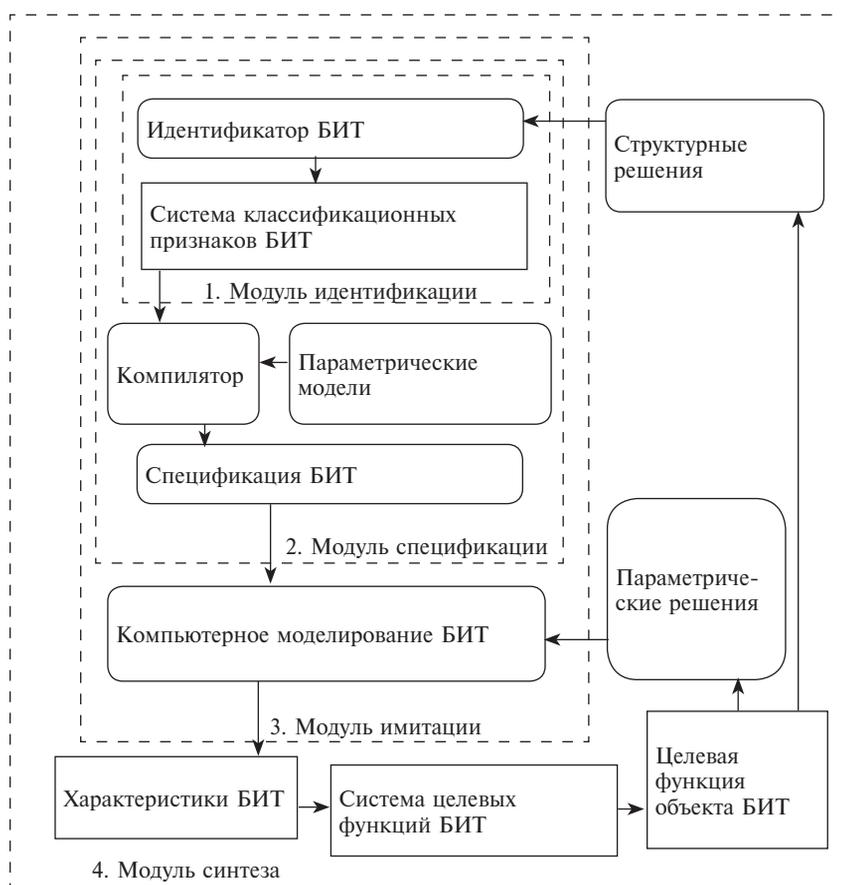


Рис. 3. Обобщённая схема структурно-параметрического синтеза биоинформационных технологий

применяет эвристики, как общие, относящиеся к определенному виду систем биоинформационных технологий, так и специфические, для конкретных систем. В соответствии с этой схемой каждый модуль более высокого уровня иерархии включает в себя все модули более низких уровней. В совокупности эти модули должны обеспечивать условия реализации методологии в решении задач создания и развития систем биоинформационных технологий. Этот модуль представляет собой обобщающую модель, дополненную алгоритмом синтеза. Необходимо, чтобы модель отражала полную и достоверную информацию по предметной области биоинформационных технологий.

Идентификация структуры биоинформационных технологий

При построении структуры биоинформационных технологий необходимо четкое определение свойств управляемого объекта. Это нужно, прежде всего, для решения задач по коррекции управляемых биообъектов, например, построения схем самоорганизации систем с учетом организации жизнедеятельности муравьиного социума [17], разработки методики лечения людей посредством пчелиного биополя [18] и др.

Идентификация назначения биоинформационных технологий составляет принципиальный структурный компонент, который в свою очередь состоит из следующих частей – целеориентирование, задачи и функции биоинформационных технологий. Под целеориентированием можно понимать мыслительное предвосхищение ожидаемого результата от функционирования биоинформационных технологий. Целеориентирование формируется на стадии про-

ектирования биоинформационных технологий. Оно в значительной мере обуславливает последующие формулировки и коррекции целей на этапе эксплуатации и развития качества биоинформационных технологий. Формулирование цели биоинформационных технологий предусматривает необходимые признаки, прежде всего, наименование необходимого результата, сроки его достижения, исполнителей, а в некоторых случаях и ресурсное обеспечение для достижения цели. Для более четкого целеориентирования биоинформационных технологий могут быть использованы соответствующие методы, например, «дерево целей», «матрица целей» и др. Они дают возможность достичь лучшего качества в построении, эксплуатации и совершенствовании биоинформационных технологий.

В соответствии с установленными целями формируются задачи биоинформационных технологий. Они могут быть универсальными и специальными. К универсальным задачам можно отнести: обработка данных о свойствах биообъектов и выдача их специалисту для анализа и принятия решения, например, по коррекции лечения, минимизации ресурсов функционирования биоинформационных технологий, улучшению качества информационной культуры в решении задач специалистов и др. Состав специальных задач определяется внешними и внутренними факторами и условиями, влияющими на функционирование биоинформационных технологий, например, класс управляемых биообъектов, пространство и время функционирования биоинформационных технологий, уровень новизны технологии обработки данных, квалификация персонала и др.

На основе структурирования задач может быть опре-

делен состав функций биоинформационных технологий. Функции можно представить двумя классами: информационно-технологические и организационно-управленческие функции. К первому классу относятся функции сбора, регистрации, обработки, поиска, коррекции, хранения, выдачи результатной информации специалистам и др. Ко второму классу можно отнести функции прогнозирования и планирования, учета, анализа, контроля, нормирования и др. Так, например, функция нормирования обеспечивает работы по расчету нормативов, с целью рационального расходования ресурсов.

С системных позиций собственно структура биоинформационных технологий может быть представлена двумя компонентами: обеспечивающей и функциональной частями структуры [18]. В рамках обеспечивающей части, как база функционирования биоинформационных технологий, необходимо предусматривать следующие структурные подсистемы: информационное, техническое, программно-математическое и организационно-правовое обеспечение.

В составе подсистемы информационного обеспечения биоинформационных технологий следует учитывать базы данных, на последующих этапах развития – базы знаний, систему показателей, отражающих свойства управляемых биообъектов, например, показатель равновесия при изучении функций мозжечка [17], лингвистические средства, методики индексирования документов и запросов и др.

В рамках технического обеспечения в аспекте перспектив развития биоинформационных технологий необходимо учитывать возможность задействования широкой номенклатуры вычислительных средств и периферийных устройств. Кроме того, специфика биообъектов

может обусловить применение специальных приборов и методов измерения и оценки свойств биообъектов, например, при апитерапии дозировки так называемого иммунного меда [19].

Программно-математическое обеспечение биоинформационных технологий включает общепринятый набор программ, обеспечивающий функциональную устойчивость биоинформационных технологий, так и специфические программы, обусловленные конкретным видом биоинформационных технологий, например, компьютерная автоматизированная система кинетической электропунктурной диагностики (КАСКЭД), разработанный в соответствии с требованиями Минздрава РФ [17]. Относительно организационно-правового обеспечения учитываются статус лицензирования продукта, технологические инструкции пользователю, например, что и как выполнять по методике лечения, способы и средства регистрации данных по протоколу лечения пациента и др.

В состав функциональной части с позиций логики организации должны быть включены компоненты, отвечающие за решение функций биоинформационных технологий. Это, прежде всего, информационно-технологические функции, обеспечивающие процессы преобразования данных биологических объектов, а также организационно-управленческие, для решения задач специалистов по созданию, эксплуатации и развитию биоинформационных технологий. Разумеется, каждая из указанных подсистем структуры биоинформационных технологий будет иметь свои специфические оттенки, прежде всего, определяемых характером управляемых биообъектов. Следует отметить, что принципиальная схема функционирования биоинформационных

технологий будет мало отличаться от подобных схем информационных технологий и систем других классов. Вместе с тем, эта схема может иметь и свои специфические отличия от иных видов информационных технологий.

Специфичность функционирования биоинформационных технологий, прежде всего, в обработке данных обуславливается применяемыми методами и средствами воздействия на биосистемы, как объекты управления в решении задач специалистов. В так называемой альтернативной медицине, например, восточной (китайской и тибетской) используют гомеопатию, набор методов акупунктуры и др. Для диагностики состояния биообъектов используются метод измерения функциональности меридианов [20]. Здесь по результатам технического измерения для лечения выбирается меридиан, с точкой наименьшего электрического сопротивления биообъекта. Довольно широкое распространение получил метод, реализованный посредством вышеуказанной компьютерной диагностики КАСКЭД [17]. В данном методе измерение кинетических кривых выполняется не на «глазок», а посредством ввода данных непосредственно в компьютер. Затем эти данные обрабатываются с использованием методов теории распознавания, что существенно улучшает качество диагностики медицинской информационной системы. Перспективным представляется метод биоэнергоинформационной технологии, например, в протоколе лечения задействованы пчелы и продукты пчеловодства [19]. Лечение проводится путем активизации иммунной системы человека посредством создаваемого пчелами биополя, в который «погружается» пациент. Кроме того, эффект излечения подкрепляется медом повышенной биологической

активности, в частности таким ингредиентом как маточное молочко. Эта технология применяется для лечения довольно значительного ряда заболеваний.

Оценка качества биоинформационных технологий может выполняться на стадиях создания, эксплуатации и развития. Следует отметить сложность оценки качества. Пока не создано универсальных методик измерения качества этого класса систем. Следует отметить, что применяемые для определенных видов биоинформационных технологий показатели излечения пациента скорее всего на данном этапе относятся более к качественным показателям, чем к количественным измерителям. Вместе с тем некоторые виды биоинформационных технологий имеют достаточно адекватные параметры оценки качества функционирования [17]. На данном этапе исследований перспективным направлением в создании универсальных методов оценки качества биоинформационных технологий представляется рассмотрение и оценка конкретных видов биоинформационных технологий на основе их адекватного классификатора. Следование данному условию в значительной мере будет содействовать улучшению качества разработки учебно-методической документации, электронно-образовательных ресурсов в преподавании биоинформационных технологий в общем комплексе информационных дисциплин соответствующих учебных планов вузов. Так, например, созданы программы, лабораторные практикумы, деловая игра и другие материалы. При разработке материалов целевым объектом был выбран процесс подготовки бакалавров по направлению «бизнес-информатика», направленность «Прикладная информатика в гуманитарной сфере», магистров по на-

правлению «Прикладная информатика», направленность: «Управление данными и знаниями в компьютерных сетях» Института информационных технологий и безопасности Российского государственного гуманитарного университета.

Заключение

Идентификация структуры биоинформационных технологий расширяет и уточняет парадигму качества информационных технологий и систем, что обеспечивает более четкое представление задач в преподавании дисциплин по биотехнологиям.

Решение задач по идентификации структуры биоинформационных технологий должно выполняться с учетом средств системного анализа.

В работах по созданию, эксплуатации и развитию качества биоинформационных

технологий необходимо применять методологию качества информационных систем с учетом рассмотрения аспектов: принципов, логики организации, методов и средств биоинформационных технологий.

Одним из существенных методов решения задач моделирования биоинформационных технологий является структурно-параметрический синтез.

В задачах идентификации структуры биоинформационных технологий определенного вида на стадиях проектирования, эксплуатации, совершенствования качества необходимо учитывать следующие основные компоненты: цели, задачи, функции, структура, технология функционирования, оценка качества функционирования.

Каждый структурный компонент биоинформационных технологий в методологическом аспекте имеет как универ-

сальные, так и специфические свойства, которые необходимо учитывать в решении задач создания, эксплуатации и развития биоинформационных технологий.

Результаты работ обсуждались на кафедральных и университетских семинарах. Полученные в ходе обсуждения замечания и рекомендации были учтены в работах по коррекции учебно-методической документации, выбора электронно-образовательных ресурсов, организации постоянно-действующего студенческого научного семинара «Теория и методология управления качеством информационных систем». Полученные результаты положительно повлияли на активность студентов в изучении учебного материала, что в конечном итоге обеспечило повышение уровня успеваемости и качества учебного процесса.

Литература

1. Исаев Г.Н. Управление качеством информационных систем: Теоретико-методологические основания. М.: Наука, 2011. 279 с.
2. Хачатрян В.А. Биоинформационные возможности микроорганизмов: потенциал клеточных механизмов управления процессами обновления человеческого организма на биоинформационном уровне. М., СПб.: ДИЛЯ; 2013. 249 с.
3. Леск А. Введение в биоинформатику. М.: Бином, 2013. 318 с.
4. Афонников Д.А., Иванисенко В.А. Биоинформатика: метод во главе угла. // Наука из первых рук. 2013. Т. 49. № 1. С. 50–59.
5. Булгаков В.П., Цициашвили Г.Ш. Биоинформационный анализ белковых сетей: поиск статистик и топологий, наиболее адекватно отвечающих запросам экспериментальных биологов (мини-обзор) // Биохимия. 2013. Т. 78. № 10. С. 1405–1411.
6. Лахно В.Д. Математическая биология и биоинформатика // Вестник Российской академии наук. 2011. Т. 81. № 9. С. 812–818.
7. Лахно В.Д. Прикладные задачи математической биологии и биоинформатики // Биофизика. 2011. Т. 56. № 6. С. 1071–1081.
8. Несговорова Г.П. Биоинформатика: пути развития и перспективы. В кн.: Информатика в науке и образовании. Сер. Выпуск 21 Кон-

струирование и оптимизация программ. Новосибирск: НГУ, 2012. С. 71–89.

9. Павлов А.Н., Ермолаев Ю.М. Биоинформационная экология. М.: ИРИАС, 2011. 143 с.

10. Комышев Е.Г., Генаев М.А., Гунбин К.В., Афонников Д.А. Biouniwa – система генерации web-сервисов и конвейеров для унифицированного доступа к ресурсам в области биоинформатики // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2013. Т. 17. № 4-1. С. 607–614.

11. Козлов Н.Н. Расчет генетического кода // Препринты ИПМ им. М.В. Келдыша. 2010. № 26. 23 с.

12. Королев С.А., Любецкий В.А., Селиверстов А.В. Модель ранней эволюции геномов и формирования видов // Информационные процессы. 2013. Т. 13. № 4. С. 336–337.

13. Коротков Е.В., Короткова М.А. Биоинформатика и поиск сдвигов рамки считывания в генах // Информационные технологии и вычислительные системы. 2010. № 1. С. 3–23.

14. Коротков Е.В., Шеленков А.А., Короткова М.А. К вопросу о распознавании скрытой периодичности в последовательностях ДНК // Математическая биология и биоинформатика. 2013. Т. 8. № 2. С. 529–536.

15. Каменская М.А. Биоинформатика – новая дисциплина в системе высшего образова-

ния // Научно-техническая информация. Сер. 1. Организация и методика информационной работы. 2005. № 1. С. 13–16.

16. Таратута В.П., Шорохов И.М. Системные исследования в современной науке. Сборник научных трудов. Новосибирск: НГУ, 1982. С. I-168.

17. Чернавский Д.С., Карп В.П., Родштат И.В., Никитин А.П., Чернавская Н.М. Распознавание, Аутодиагностика. Мышление. Синергетика и наука о человеке. М.: Радиотехника, 2004. 272 с.

References

1. Isayev G.N. Upravleniye kachestvom informatsionnykh sistem: Teoretiko-metodologicheskiye osnovaniya = Quality management of information systems: Theoretical and methodological foundations. Moscow: Nauka; 2011. 279 p. (In Russ.)

2. Khachatryan V.A. Bioinformatsionnyye vozmozhnosti mikroorganizmov: potentsial kletochnykh mekhanizmov upravleniya protsessami obnoveniya chelovecheskogo organizma na bioinformatsionnom urovne = Bioinformation capabilities of microorganisms: the potential of cellular mechanisms for controlling the renewal of the human body at the bioinformation level. Moscow, Saint Petersburg: DILIA; 2013. 249 p. (In Russ.)

3. Lesk A. Vvedeniye v bioinformatiku = Introduction to bioinformatics. Moscow: Binom; 2013. 318 p. (In Russ.)

4. Afonnikov D.A., Ivanisenko V.A. Bioinformatics: a method at the forefront. Nauka iz pervykh ruk = Science first hand. 2013; 49; 1: 50-59. (In Russ.)

5. Bulgakov V.P., Tsitsiashvili G.S.H. Bioinformational analysis of protein networks: the search for statistics and topologies that most adequately meet the needs of experimental biologists (mini-review). Biokhimiya = Biochemistry. 2013; 78; 10: 1405-1411. (In Russ.)

6. Lakhno V.D. Mathematical biology and bioinformatics. Vestnik Rossiyskoy akademii nauk = Mathematical biology and bioinformatics. 2011; 81; 9: 812-818. (In Russ.)

7. Lakhno V.D. Applied problems of mathematical biology and bioinformatics. Biofizika = Biophysics. 2011; 56; 6: 1071-1081. (In Russ.)

8. Nesgovorova G.P. Bioinformatika: puti razvitiya i perspektivy. V kn.: Informatika v nauke i obrazovanii. Ser. Vypusk 21 Konstruirovaniye i optimizatsiya program = Bioinformatics: development paths and prospects. In: Computer Science in Science and Education. Ser. Issue 21 Design and optimization of programs. Novosibirsk: NSU; 2012: 71-89p. (In Russ.)

9. Pavlov A.N., Yermolayev YU.M. Bioinformatsionnaya ekologiya = Bioinformation ecology. Moscow: IRIAS; 2011. 143 p. (In Russ.)

18. ГОСТ 34.601-90. Информационная технология. Комплекс стандартов на автоматизированные системы. Автоматизированные системы. Стадии создания.

19. Колотова Л. Пасека Савина: лечение онкологии продуктами пчеловодства. [Электрон. ресурс]. Режим доступа: <http://fb.ru/article/247706/paseka-savina-lechenie-onkologii-produktami-pchelovodstva/> (Дата обращения 18.05.2018).

20. Вогралик В.Г., Вогралик М.В. Пунктурная рефлексотерапия: Чжень-цзю. Горький: Волго-Вятское кн. изд-во: 1988. 335 с.

10. Komyshev Ye.G., Genayev M.A., Gunbin K.V., Afonnikov D.A. Biouniwa a system for generating web services and pipelines for unified access to resources in the field of bioinformatics. Vavilovskiy zhurnal genetiki i selektsii = Vavilovsky Journal of Genetics and Selection. 2013; 17; 4-1: 607-614. (In Russ.)

11. Kozlov N.N. Calculation of the genetic code. Preprinty IPM im. M.V. Keldysha = KIAM Preprints named after M.V. Keldysh. 2010; 26: 23 p. (In Russ.)

12. Korolev S.A., Lyubetskiy V.A., Seliverstov A.V. A model of the early evolution of genomes and the formation of species. Informatsionnyye protsessy = Information Processes. 2013; 13; 4: 336-337. (In Russ.)

13. Korotkov Ye.V., Korotkova M.A. Bioinformatics and the search for reading frame shifts in genes. Informatsionnyye tekhnologii i vychislitel'nyye sistemy = Information Technologies and Computing Systems. 2010; 1: 3-23. (In Russ.)

14. Korotkov Ye.V., Shelenkov A.A., Korotkova M.A. To the issue of recognition of latent periodicity in DNA sequences. Matematicheskaya biologiya i bioinformatika = Mathematical Biology and Bioinformatics. 2013; 8; 2: 529-536. (In Russ.)

15. Kamenskaya M.A. Bioinformatics - a new discipline in the system of higher education. Nauchno-tekhnicheskaya informatsiya. Ser.1. Organizatsiya i metodika informatsionnoy raboty = Scientific and technical information. Ser. 1. Organization and methodology of information work. 2005; 1: 13-16. (In Russ.)

16. Taratuta V.P., Shorokhov I.M. Sistemnyye issledovaniya v sovremennoy nauke. Sbornik nauchnykh trudov = Systemic research in modern science. Collection of scientific papers. Novosibirsk: NSU; 1982. I-168p. (In Russ.)

17. Chernavskiy D.S., Karp V.P., Rodshtat I.V., Nikitin A.P., Chernavskaya N.M. Raspoznavaniye, Autodiagnostika. Myshleniye. Sinergika i nauka o cheloveke = Recognition, Auto Diagnostics. Thinking. Synergetics and the science of man. Moscow: Radio engineering; 2004. 272 p. (In Russ.)

18. GOST 34.601-90. Informatsionnaya tekhnologiya. Kompleks standartov na avtomatizirovannyye sistemy. Avtomatizirovannyye sistemy. Stadii sozdaniya = Information technology. Set of standards for automated systems. Automated systems. Stages of creation. (In Russ.)

19. Kolotova L. Paseka Savina: lecheniye onkologii produktami pchelovodstva = Apiary Savina: oncology

treatment with bee products. [Internet]. Available from: <http://fb.ru/article/247706/paseka-savina-lechenie-onkologii-produktami-pchelovodstva/> (cited 18.05.2018). (In Russ.)

20. Vogralik V.G., Vogralik M.V. Punktturnaya refleksoterapiya: Chzhen'-tszyu = Puncture reflexology: Zhen-jiu. Gorky: Volga-Vyatka Prince Publishing House; 1988. 335 p. (In Russ.)

Сведения об авторах

Георгий Николаевич Исаев

Российский государственный гуманитарный университет, Москва, Россия

Эл. почта: georg.isaev@mail.ru

Андрей Арьевич Роганов

Российский государственный гуманитарный университет, Москва, Россия

Эл. почта: andrej.a@mail.ru

Information about the authors

Georgy N. Isaev

Russian State University for the Humanities, Moscow, Russia

E-mail: georg.isaev@mail.ru

Andrey A. Roganov

Russian State University for the Humanities, Moscow, Russia

E-mail: andrej.a@mail.ru