

УДК 519.876.5:004.94

DOI <https://doi.org/10.32782/eddiscourses/2025-3-11>

КОМП'ЮТЕРНЕ ТА МАТЕМАТИЧНЕ МОДЕЛЮВАННЯ В БІОТЕХНОЛОГІЯХ ТА БІОІНЖЕНЕРІЇ: ОСВІТНІЙ АСПЕКТ

Стучинська Наталія Василівна,

доктор педагогічних наук, професор,
професор кафедри медичної і біологічної фізики та інформатики,
Національний медичний університет імені О. О. Богомольця
ORCID: 0000-0002-5583-899X

Микитенко Павло Васильович,

доктор педагогічних наук, доцент,
доцент кафедри медичної і біологічної фізики та інформатики,
Національний медичний університет імені О. О. Богомольця
ORCID: 0000-0003-1188-4334

Андрійчук Марія Дмитрівна,

викладач кафедри медичної і біологічної фізики та інформатики,
Національний медичний університет імені О. О. Богомольця
ORCID: 0000-0003-0112-3830

У роботі ми аналізуємо значення математичного й комп'ютерного моделювання для підготовки фахівців за спеціальністю біотехнології та біоінженерія. Біотехнологічні процеси вимагають від фахівців як фундаментальних знань з хімії, біології, та фізики, також умінь застосовувати сучасні цифрові інструменти, які дають змогу контролювати перебіг біохімічних реакцій. Комп'ютерне моделювання поглиблює розуміння біотехнологічних процесів, які лежать в основі синтезу цільових продуктів, зокрема амінокислот, ферментів, антибіотиків. Публікація демонструє базові математичні моделі, які описують ці процеси. Велика увага в галузі біотехнології приділяється моделям розвитку популяцій мікроорганізмів. Такі моделі дають змогу оцінювати ефективність антибактеріальних препаратів, планувати стратегії вакцинації або запобігання епідеміям. Ми наводимо практичні приклади застосування моделі Мальтуса, моделі логістичного зростання Ферхюльста, моделі Гомперца, модель Лотки – Вольтерри для взаємодії популяцій, рівняння Моно, що описує ріст мікроорганізмів залежно від концентрації субстрату, а також модель Міхаеліса – Ментен для опису ферментативної кінетики. Окрему увагу приділено математичному моделюванню біосинтезу продуктів у ферментерах – замкнених біореакторах, які широко застосовують у сучасних біотехнологічних виробництвах.

Ми демонструємо реалізацію математичних моделей за допомогою систем комп'ютерної математики Mathcad та мови програмування Python. Усі практичні приклади мають графічну демонстрацію перебігу біотехнологічних реакцій. Проведено аналіз отриманих результатів комп'ютерного моделювання, зроблено висновки доцільності застосування моделей у біотехнологічних процесах.

Упровадження в навчальний процес математичного та комп'ютерного моделювання сприяє розвитку критичного мислення, значно підвищує рівень цифрової компетентності майбутніх фахівців і розвиває навички ухвалення технологічних рішень. Синтез теоретичного матеріалу з виконанням практичних завдань підтверджує ефективність міждисциплінарного підходу в підготовці фахівців з біотехнологій.

Ключові слова: моделювання, компетентності, біотехнологічні процеси, популяції мікроорганізмів, ферменти, біореактори.

Stuchynska Nataliia, Mykytenko Pavlo, Andriichuk Mariia. Computer and mathematical modeling in biotechnology and bioengineering: an educational aspect.

Abstract. This paper analyzes the importance of mathematical and computer modeling in the training of specialists in the fields of biotechnology and bioengineering. Biotechnological processes require not only fundamental knowledge of chemistry, biology, and physics, but also the ability to apply modern digital tools to monitor and control the course of biochemical reactions. Computer modeling deepens the understanding of core biotechnological processes that underlie the synthesis of target products such as amino acids, enzymes, and antibiotics. The publication presents fundamental mathematical models used to describe these processes. Particular attention in biotechnology is paid to models of microbial population growth

and interaction. These models allow for the evaluation of the effectiveness of antibacterial agents, planning of vaccination strategies, and forecasting epidemic spread. Practical examples are given using the Malthusian growth model, Verhulst's logistic growth model, Gompertz model, Lotka–Volterra model for population interactions, the Monod equation for modeling microbial growth depending on substrate concentration, and the Michaelis – Menten model for enzymatic kinetics.

Special focus is placed on the mathematical modeling of product biosynthesis in fermenters – closed bioreactors that are widely used in modern biotechnological production. The implementation of these mathematical models is demonstrated using the Mathcad computer algebra system and the Python programming language. All practical examples are supported by graphical representations of biotechnological processes. An analysis of the modeling results is provided, with conclusions about the applicability of each model to real-world biotechnological systems.

The integration of mathematical and computer modeling into the educational process fosters the development of critical thinking, significantly enhances the digital competence of future specialists, and cultivates skills for making informed technological decisions. The synthesis of theoretical knowledge and hands-on modeling tasks confirms the effectiveness of an interdisciplinary approach to biotechnology education.

Key words: modeling, competencies, biotechnological processes, microbial populations, fermenters, bioreactors.

Актуальність. На сьогодні математичні підходи й комп'ютерні технології широко застосовують майже в усіх сферах галузі «Охорона здоров'я»: медицині, фармації, біотехнологіях, біоінженерії тощо. Такі дослідження мають вагоме значення в пізнанні феномену живого та методах впливу на біологічні об'єкти. Комп'ютерне моделювання дає змогу ефективно аналізувати складні біологічні процеси, оцінювати ефективність лікування, а також створювати нові біотехнологічні продукти. Майбутні фахівці мають опановувати методи моделювання як невід'ємну частину своєї професійної підготовки.

Мета роботи – проаналізувати комп'ютерні моделі, що застосовують у біотехнологіях та біоінженерії (зокрема, моделі розвитку популяцій мікроорганізмів), а також взаємодії між цими популяціями. Робота спрямована на формування в студентів навичок математичного аналізу біологічних процесів, розвитку аналітичного мислення та опанування інструментів моделювання, необхідних для сучасної практики в медицині, фармації та біотехнологіях.

Завдяки розвитку інформаційних технологій з'явилися нові можливості для імітації складних біологічних систем. З огляду на це, зростає потреба у фахівцях, які володіють не лише фундаментальними знаннями з профільних дисциплін, а й навичками аналітичного мислення та цифрової грамотності. Проведений аналіз літературних джерел свідчить, що в Україні активно розвивається напрям математичного моделювання біологічних та медичних процесів. Комп'ютерне моделювання ефективно застосовують для популяційної динаміки мікроорганізмів, імунних реакцій та механізмів дії лікарських засобів. Публікації у фахових журналах часто містять системи диференціальних рівнянь, що описують динаміку інфекційного процесу. Диференціальні рівняння є одним із головних інструментів сучасної теорії моделювання, керування, ухвалення рішень [1]. Комп'ютерне моделювання епідемій дає змогу здобувачам вищої освіти краще зрозуміти особливості поширення інфекційних захворювань, фор-

мує компетентності, необхідні для ефективного ухвалення управлінських рішень у сфері охорони здоров'я [2]. Комп'ютерне моделювання біотехнологічних реакцій та біосинтетичних процесів є потужним інструментом для оптимізації та аналізу біотехнологічних виробництв. Розглянемо, як комп'ютерне моделювання застосовують у цих сферах.

Основна частина. У дослідженнях останніх років (*Journal of Theoretical Biology*, *BMC Systems Biology*) розробляють багатофакторні моделі, які враховують вплив антибіотиків, стійкість бактерій та еволюційні зміни мікроорганізмів. Вітчизняні науковці також приділяють велику увагу моделюванню біологічних та медичних процесів, як-от популяційна динаміка мікроорганізмів, імунні реакції та механізми дії лікарських засобів. Науковці інституту молекулярної біології і генетики НАН України зосереджені на вирішенні проблем у галузі молекулярної біології, генетики та біотехнології. На кафедрах фармакології та медичної інформатики Львівського національного медичного університету імені Данила Галицького розробляють моделі фармакокінетики та фармакодинаміки. Науковці кафедри медичної і біологічної фізики та інформатики, НМУ імені О. О. Богомольця досліджують SIR/SEIR-подібні моделі інфекційних захворювань [2], упроваджують у навчальний процес математичне та комп'ютерне моделювання ключових біологічних процесів, зокрема фармакокінетичних реакцій тощо [4].

Великого значення в галузі біотехнології набувають моделі розвитку популяцій мікроорганізмів. Вони описують зміну чисельності мікробних агентів у часі з урахуванням факторів росту, обмежень середовища, конкуренції. Такі моделі дають змогу оцінювати ефективність антибактеріальних препаратів, планувати стратегії вакцинації або попередження епідемій. Першою працею в галузі популяційної динаміки вважається робота Томаса Мальтуса, у якій постульовано закон Мальтуса або закон експоненційного росту розміру популяції.

– Модель експоненціального росту (Модель Мальтуса).

Диференціальне рівняння:

$$\frac{dN}{dt} = rN. \quad (1)$$

Розв'язок:

$$N(t) = N_0 \cdot e^{rt}, \quad (2)$$

де: N – чисельність популяції, r – коефіцієнт росту.

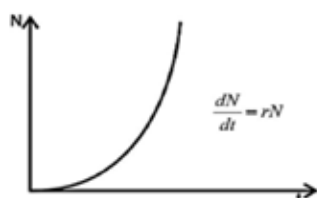


Рис. 1. Експоненційне зростання чисельності популяції

З графіка легко зрозуміти, що чисельність популяції зростає досить швидко і прямує до нескінченності. У природі таке зростання довго неможливе. Але є процеси, які в певному часовому проміжку можуть бути описані за допомогою експоненціальної моделі. Наприклад, бактерії в інкубаторі.

Звісно, через певний час ресурс вичерпається і зростання популяції загальмується. Наступна модель називається логістичною та запропонована французьким математиком Ферхюльстом ще в 1845 році. У логістичній моделі з'являється змінна K – ємність середовища, рівноважна чисельність популяції, за якої вона споживає всі наявні ресурси.

– Модель логістичного зростання (Ферхюльста):

$$\frac{dB}{dt} = a \cdot B - c \cdot B^2, \quad (3)$$

де a – коефіцієнт росту, c – коефіцієнт, що обмежує ріст через виснаження ресурсів.

Реалізація моделі в системі MathCad 15.

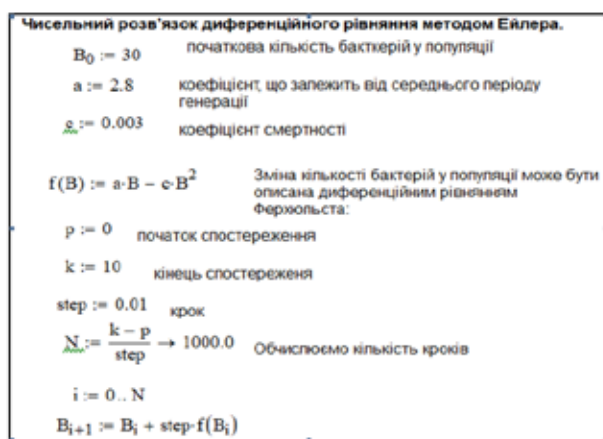
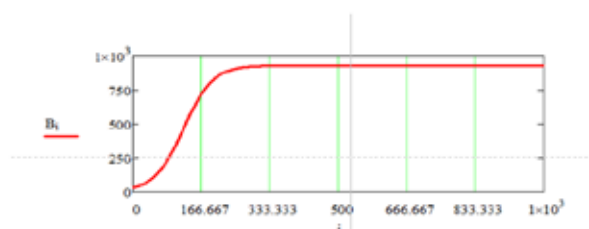


Рис. 2. Модель логістичного зростання



Продовження рис. 2. Модель логістичного зростання

– Модель Гомперца (Gompertz Model):

$$\frac{dX}{dt} = rX \ln\left(\frac{K}{X}\right), \quad (4)$$

де $X(t)$ – концентрація, або чисельність популяції в момент часу t ; $r > 0$ – параметр швидкості росту (інтенсивність росту); $K > 0$ – максимальна насичена концентрація (ємність середовища).

Модель можливо використовувати для опису клітинних культур, пухлин, бактеріальних колективів. Модель краще описує біологічні процеси, ніж логістична, коли спостерігається початковий темп росту не максимальний, а наростає з часом.

У нашій роботі ми продемонструємо створення моделі Гомперца, яка виконується в MathCad 15.

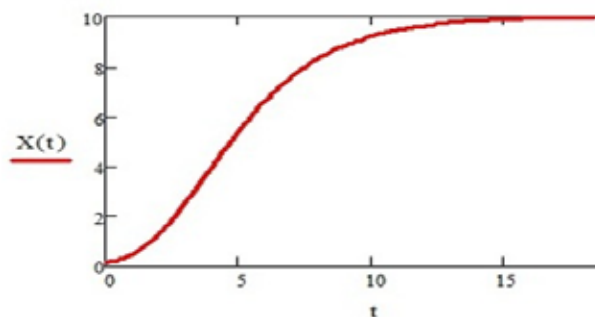
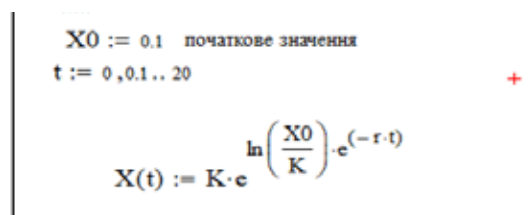


Рис. 3. Модель Гомперца

Модель демонструє спочатку повільний ріст, який із часом прискорюється, а потім поступово сповільнюється, асимптотично наближаючись до значення K .

– Ферментативна кінетика. Модель Міхаеліса – Ментен. Вивчає швидкість біохімічних реакцій, каталізованих ферментами. Модель Міхаеліса – Ментен є однією з основних та найпоширеніших моделей у біохімічних та фармацевтичних дослідженнях. Вона

описує залежність швидкості утворення продукту P ферментативних реакцій, $V = dP/dt$, від концентрацій реагентів, зокрема концентрації субстрату S [3]. Математично модель Міхаеліса – Ментен виражається таким рівнянням:

$$V = \frac{V_{\max} \cdot S}{K_M + S} \quad (5)$$

Якщо побудувати графік залежності швидкості реакції V від концентрації субстрату S , то він матиме гіперболічну форму. На початку за низьких концентрацій субстрату швидкість реакції зростає пропорційно концентрації субстрату, але із часом досягає насичення (максимальної швидкості), коли всі ферменти насичені субстратом і не можуть каталізувати реакцію швидше [3].

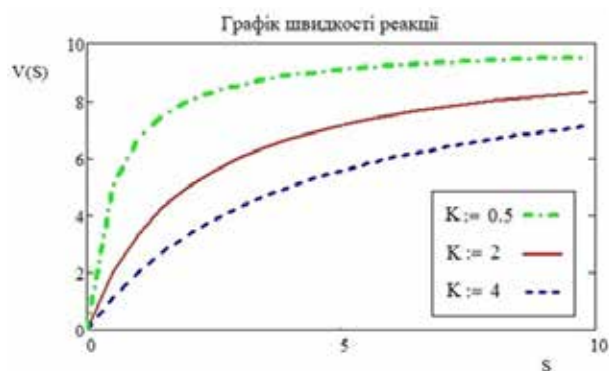


Рис. 4. Модель Міхаеліса – Ментен залежність швидкості реакції $V(S)$ від концентрації субстрату S для трьох значень константи K_M – 0,5; 2 та 4

– Модель Лотки–Вольтерри (Lotka–Volterra).

Модель хижак-жертва модель розмноження мікроорганізмів, які продукують отруту, що негативно впливає на їх виживання.

$$\begin{aligned} \frac{dN}{dt} &= kN - k_1 N Z \\ \frac{dZ}{dt} &= k_2 N \end{aligned} \quad (6)$$

Деякі мікроорганізми розмножуються пропорційно їх наявній кількості (коефіцієнт пропорційності k), але одночасно виробляють продукти життєдіяльності, які є отрутою для самих мікроорганізмів. Швидкість винищення внаслідок дії отрути пропорційна кількості отрути та поточній чисельності мікроорганізмів з коефіцієнтом k_1 . Швидкість утворення отрути пропорційна наявній кількості мікроорганізмів (з коефіцієнтом k_2). Застосовується для моделювання взаємодій між мікроорганізмами.

Продемонструємо реалізацію моделі в системі MathCad 15.

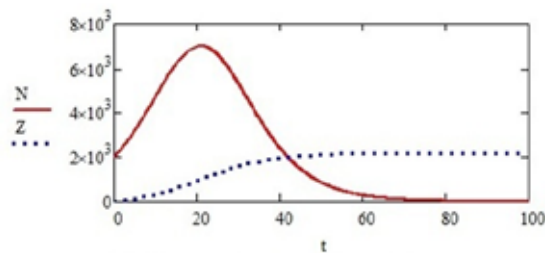
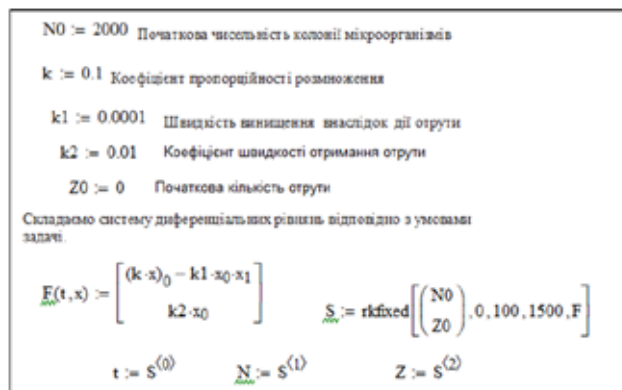


Рис. 5. Модель Лотки – Вольтерри (Lotka – Volterra)

Аналіз графічного результату показує, що кількість мікроорганізмів спочатку зростає в часі і в певний момент досягає свого максимального значення, після чого колонія вимирає повністю. Крива $Z(t)$ є типовою кривою з перегином: швидкість накопичення отрути спочатку відносно невелика, але вона швидко зростає із часом, доки не досягне максимуму. Звичайно, при повному винищенні мікроорганізмів кількість отрути стабілізується та стає сталою.

– Рівняння Моно – це математична модель росту мікроорганізмів. Воно назване на честь Жака Моно (1910–1976, французький біохімік, лауреат Нобелівської премії з фізіології та медицини). Рівняння Моно має таку ж форму, як і рівняння Міхаеліса – Ментена, але відрізняється тим, що воно є емпіричним.

$$\mu = \mu_{\max} \frac{S}{K_S + S}$$

Застосовується для мікроорганізмів; актуальна в біореакторах, активованому мулі.

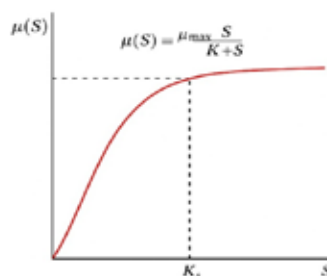


Рис. 6. Модель Моно (Monod)

Графік є гіперболічною кривою. При малих S лінійна залежність, при великих S – насичення.

Біотехнологічні процеси ґрунтуються на законах біохімії та біофізики, то відбуваються вони за певних умов, які забезпечують необхідне співвідношення між енергією активації та енергією теплового руху молекул, що зумовлює розрив зв'язків між окремими ділянками біомолекул або зміну їх конформації (просторову переорієнтацію). Каталізаторами біотехнологічних процесів завжди є ферменти, які можна розділити на біохімічні та мікробіологічні. До біохімічних процесів належить будь-яка трансформація субстрату за участю ферментів, які вводять у них за допомогою гідромеханічних процесів або є природними компонентами іншого субстрату (коагуляція білків, гідроліз вуглеводів та ін.) [5]. На сучасних біотехнологічних виробництвах використовують різноманітні біореактори. Найбільш застосова-

ним типом біореактора у виробничих процесах сучасних біотехнологій є ферментер. У Державному стандарті України 3803-98 наведено 12 різновидів ферментерів. Здобувачам вищої освіти зі спеціальності біотехнології та біоінженерія, важливо розуміти принцип роботи біореакторів, уміти моделювати процеси, які там відбуваються. Біореактор (Bioreactor) – замкнений пристрій, що забезпечує оптимальні умови перетворення субстрату за участю біоагента на цільовий продукт певної біотехнології. Найбільш застосованим у різноманітних біотехнологіях типом біореактора є ферментер [5].

Створити модель біосинтезу продукту (наприклад, амінокислоти або антибіотику) за участі мікроорганізмів у ферментері на основі кінетики Міхаеліса – Ментен. Продемонструємо моделювання біопроцесу з кінетикою Міхаеліса – Ментен на мові Python рис. 7.

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import solve_ivp

V_max = 1.5
K_m = 0.5
Y_XS = 0.45
Y_PS = 0.25
k_d = 0.01

def model(t, y):
    S, X, P = y
    rate = (V_max * S) / (K_m + S)
    dSdt = -rate * X
    dXdt = Y_XS * rate * X - k_d * X
    dPdt = Y_PS * rate * X
    return [dSdt, dXdt, dPdt]

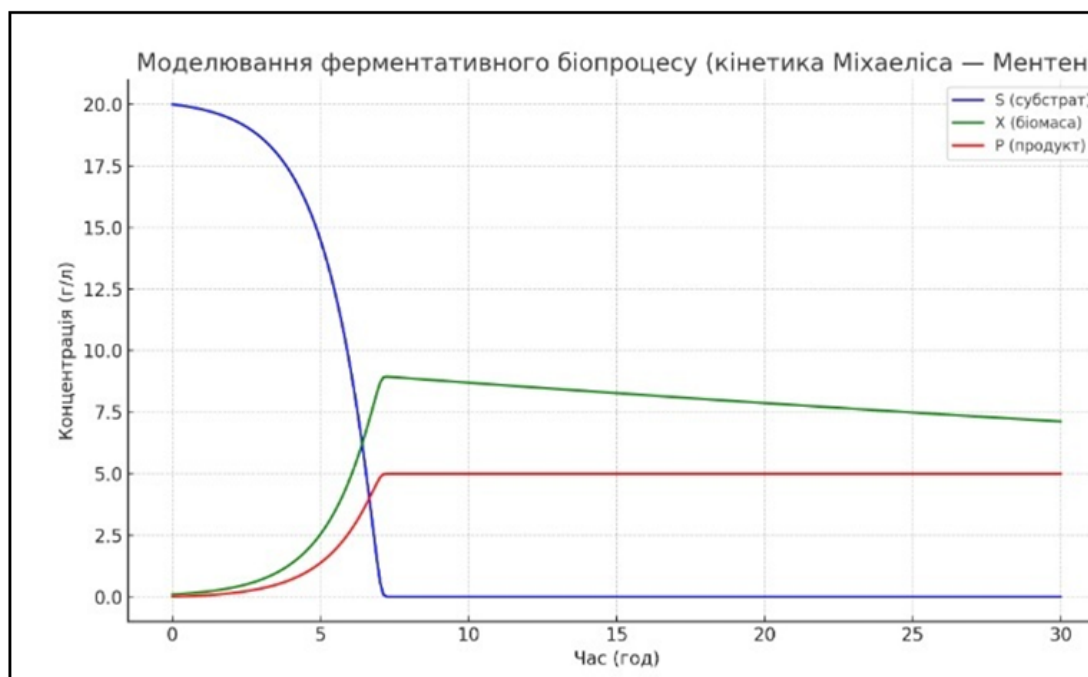
S0 = 20.0
X0 = 0.1
P0 = 0.0
y0 = [S0, X0, P0]

t_span = (0, 30)
t_eval = np.linspace(*t_span, 300)

sol = solve_ivp(model, t_span, y0, t_eval=t_eval)

plt.figure(figsize=(10,6))
plt.plot(sol.t, sol.y[0], label='S (субстрат)', color='blue')
plt.plot(sol.t, sol.y[1], label='X (біомаса)', color='green')
plt.plot(sol.t, sol.y[2], label='P (продукт)', color='red')
plt.xlabel('Час (год)')
plt.ylabel('Концентрація (г/л)')
plt.title('Моделювання ферментативного біопроцесу (кінетика Міхаеліса-Ментен)')
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.tight_layout()
plt.show()
```

Рис. 7. Модель біосинтезу продукту за участі мікроорганізмів у ферментері на основі кінетики Міхаеліса – Ментен



Продовження рис. 7. Модель біосинтезу продукту за участі мікроорганізмів у ферментері на основі кінетики Міхаеліса – Ментен

На графіку зображено зміну в часі трьох основних змінних: $X(t)$ – концентрація мікроорганізмів (клітинна маса); $S(t)$ – концентрація поживної речовини (субстрат); $P(t)$ – накопичення цільового продукту.

Ці приклади демонструють, як MathCad та мову програмування Python можна використовувати для різноманітних розрахунків у біотехнології – від масових балансів до кінетики ферментації та термодинамічних розрахунків.

Висновки. Комп'ютерне моделювання біотехнологічних реакцій та біосинтетичних процесів є потужним інструментом для прогнозування результатів, оптимізації умов та покращення ефективності виробничих процесів. Інтеграція математичних моделей і сучасних обчислювальних засобів дає змогу значно підвищити продуктивність, знизити витрати та покращити якість продукту.

Використання систем диференціальних рівнянь для створення моделей біотехнологічних процесів дає розуміння міждисциплінарних зв'язків, розвиває аналітичне мислення, уміння інтерпретувати результати та ухвалювати обґрунтовані рішення. Можливість вибрати програмне середовище для практичної реалізації моделей формує в студентів навички чисельного аналізу, дає можливість візуалізувати отримані результати. Безпосередній зв'язок із реальними виробничими завданнями активізує пізнавальну діяльність, формує міждисциплінарну інтеграцію знань та сприяє підготовці конкурентоспроможних фахівців.

Ми маємо на меті подальше вдосконалення методики викладання моделювання в біотехнологіях, впровадження віртуальних симуляторів та включення дослідницьких компонентів у навчальні програми.

Перспективи подальших досліджень. У подальших дослідженнях планується вдосконалювати моделі процесів, які відбуваються в біореакторах різної дії. Розширювати завдання для вже відомих нам моделей Міхаеліса – Ментен, Моно, Гомперца. Розширення завдань, заснованих на рівняннях логістичної кривої Ферхюльста та Лотки – Вольтерри, дасть змогу моделювати синтез антибіотиків, амінокислот, ферментів, вітамінів тощо. Перспективним є створення цифрових двійників біореакторів, що зможуть забезпечувати моніторинг процесу в режимі реального часу.

Упровадження комп'ютерного моделювання в біоінженерній та фармацевтичній освіті значно підвищить формування у здобувачів вищої освіти набуття ключових компетентностей, які надають вміння застосовувати математичний апарат для опису складних біопроцесів, критично мислити та ухвалювати обґрунтовані рішення. Поєднання в освітньому процесі математичного апарата з комп'ютерними моделюванням сприятиме підготовці висококваліфікованих фахівців у галузі біотехнологій.

Список літератури:

1. Чалий О. В., Стучинська Н. В., Меленєвська А. В. Вища математика : навч. посібник для студ. мед. та фарм. навч. закладів. Київ : Техніка, 2001. 204 с.
2. Стучинська Н., Андрійчук М., Микитенко П. Значення математичних моделей SIR та SEIR у формуванні професійних компетентностей майбутніх магістрів фармації. *Медицина та фармація: освітні дискурси*, (2025). (1), 131–138. <https://doi.org/10.32782/eddiscourses/2025-1-21>
3. Кінетичне моделювання біохімічних реакцій із застосуванням аналітичного інструментарію Mathcad К. О. Чалий, І. П. Кривенко, М. Д. Андрійчук. *Медична наука України (МДУ)*, 2024. 20 (2), 68–78 <https://doi.org/10.32345/2664-4738.2.2024.09>
4. Стучинська Н. В., Андрійчук М. Д., Микитенко П. В. Оптимізація виробничих та логістичних задач у фармації засобами математичного та комп'ютерного моделювання. *Вісник Національного технічного університету «ХПІ». Серія: Математичне моделювання в техніці та технологіях*, (2025). (1(8)). [https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01\(8\).14](https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01(8).14)
5. Стучинська Н. В., Храпійчук Г. В. Використання методів математичного та комп'ютерного моделювання для дослідження фармакокінетичних процесів. *Вісник НТУ «ХПІ». Серія: Математичне моделювання в техніці та технологіях*, (2025). (1(8)). [https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01\(8\).01](https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01(8).01)
6. Андрійчук М.Д. Диференціальні рівняння: ключовий інструмент математичного моделювання у фармацевтичних дослідженнях. IV Науково-практична інтернет-конференція. м. Чернівці. 19.06.2024. URL: <http://surl.li/ubrb1>
7. Дігтяр С. В., Єлізаров М. О., Мазницька О. В., Никифорова О. О., Новохатьк О. В., Пасенко, А. В., Сакун О. А. Галузі сучасної біотехнології: підручник для студентів спеціальності 162 «Біотехнології та біоінженерія» / заг. ред. В. В. Никифорова. Кременчук : ПП Шчербатих О. В. (2021).

References:

1. Chalyi, O. V., Stuchynska, N. V., & Melenevska, A. V. (2001). *Vyshcha matematyka [Higher mathematics]: Textbook for students of medical and pharmaceutical educational institutions* (204 p.). Kyiv: Tekhnika.
2. Stuchynska, N., Andriichuk, M., & Mykytenko, P. (2025). Znachennia matematychnykh modelei SIR ta SEIR u formuvanni profesiynykh kompetentnostei maibutnykh mahistriv farmatsii [The importance of SIR and SEIR mathematical models in shaping professional competencies of future Masters of Pharmacy]. *Medicine and Pharmacy: Educational Discourses*, (1), 131–138. <https://doi.org/10.32782/eddiscourses/2025-1-21>
3. Chalyi, K. O., Kryvenko, I. P., & Andriichuk, M. D. (2024). Kinetychne modeliuvannia biokhimichnykh reaktsii iz zastosuvanniam analitychnoho instrumentarii Mathcad [Kinetic modeling of biochemical reactions using the analytical tools of Mathcad]. *Medical Science of Ukraine (MSU)*, 20(2), 68–78. <https://doi.org/10.32345/2664-4738.2.2024.09>
4. Stuchynska, N. V., Andriichuk, M. D., & Mykytenko, P. V. (2025). Optymizatsiia vyrobnychykh ta lohistychnykh zadach u farmatsii zasobamy matematychnoho ta kompiuternoho modeliuvannia [Optimization of production and logistics tasks in pharmacy by means of mathematical and computer modeling]. *Bulletin of NTU “KhPI”. Series: Mathematical Modeling in Engineering and Technology*, (1(8)). [https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01\(8\).14](https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01(8).14)
5. Stuchynska, N. V., & Khrapiychuk, H. V. (2025). Vykorystannia metodiv matematychnoho ta kompiuternoho modeliuvannia dlia doslidzhennia farmakokinetichnykh protsesiv [The use of mathematical and computer modeling methods for the study of pharmacokinetic processes]. *Bulletin of NTU “KhPI”. Series: Mathematical Modeling in Engineering and Technology*, (1(8)). [https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01\(8\).01](https://doi.org/10.20998/2222-0631.2025.01(8).01)
6. Andriichuk, M. D. (2024, June 19). Dyferentsialni rivniannia: kliuchovy instrument matematychnoho modeliuvannia u farmatsevtichnykh doslidzhenniakh [Differential equations: A key tool for mathematical modeling in pharmaceutical research]. IV Scientific-practical online conference, Chernivtsi. Retrieved from: <http://surl.li/ubrb1>
7. Dightiar, S. V., Yelizarov, M. O., Maznytska, O. V., Nykyforova, O. O., Novokhatko, O. V., Pasenko, A. V., & Sakun, O. A. (2021). *Haluzi suchasnoi biotekhnolohii: Pidruchnyk dlia studentiv spetsialnosti 162 «Biotekhnolohii ta bioinzheneriia»* [Fields of modern biotechnology: A textbook for students majoring in 162 “Biotechnology and Bioengineering”] (V. V. Nykyforov, Ed.). Kremenichuk: PP Shcherbatykh O. V.

Дата надходження статті: 31.07.2025

Дата прийняття статті: 15.08.2025

Опубліковано: 14.10.2025