

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Казанский (Приволжский) федеральный университет»

УТВЕРЖДАЮ

Проректор по образовательной деятельности


Д. А. Гагорский
«10» октября 2017г.


**ПРОГРАММА ВСТУПИТЕЛЬНОГО ИСПЫТАНИЯ
ПО СПЕЦИАЛЬНОСТИ**

для поступающих на программы подготовки научно-педагогических
кадров в аспирантуре

Направление 06.06.01 Биологические науки

*Направленность (профиль): 03.01.09 – Математическая биология,
биоинформатика*

Казань 2017

1. **Вопросы программы вступительного экзамена в аспирантуру по направленности (профилю) подготовки**

по специальной дисциплине, соответствующей направленности (профилю) программы подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре

03.01.09 – Математическая биология, биоинформатика

(шифр)

(наименование)

1. Основная догма молекулярной генетики. Матричный принцип. Процессы репликации, транскрипции, трансляции. Генетический код.
2. Структура генов и геномов. Экзон-интронная структура. Хромосомы.
3. Транскрипция и её регуляция. Транскрипционные факторы. Типы регуляторных районов транскрипции. Структура и функция промотора.
4. Обобщённые структурно-функциональные характеристики последовательностей. Понятие о конформационных и физико-химических свойствах двойной спирали ДНК.
5. Структура и функция РНК. Методы предсказания вторичной структуры РНК.
6. Трансляция РНК. Регуляция трансляции.
7. Структура и функция белков. Выравнивание белковых структур. Основные понятия о геометрических преобразованиях: сдвиг, поворот, центр масс, главные оси. Распознавание функциональных сайтов и мотивов в белках.
8. Функциональная геномика. Понятие экспрессии генов. Биочипы.
9. Понятие «генной сети». Классы функциональных структур и событий, значимых для функционирования генных сетей.
10. Интернет-технологии и XML технологии в биоинформатике.
11. Языки программирования в биоинформатике. Сравнительный анализ средств программирования.
12. Базы данных в биоинформатике. Типы данных и форматы представления. Модели данных. Флэт-файл. Формат ASN 1,1. Иерархические и сетевые модели. Реляционные модели. d. Объектные и объектно-реляционные БД.
13. Методы доступа. Индексы. Хэширование.
14. Языки запросов. Регулярные выражения и поиск по шаблону. SQL.
15. Базы знаний. Методы представления молекулярно-генетических знаний.
16. Проблемы и методы интеграции гетерогенных данных.
17. Основные информационные ресурсы и базы данных по молекулярной биологии. Содержание и формат баз данных. Основные средства доступа к базам данных.
18. Базы данных по генным сетям и метаболическим процессам.
19. Понятие алгоритма. Вычислительная сложность алгоритмов. Методы сравнения алгоритмов.
20. Задача сравнения генетических и белковых последовательностей. Методы выравнивания: парное и множественное, локальное и глобальное. Алгоритм глобального выравнивания Нидльмана-Вунша (Needleman-Wunsh). Алгоритм локального выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman). Gibbs sampling.
21. Blast. Назначение и основные возможности. Алгоритм.

22. Поиск повторов, комплементарностей и симметрий в последовательностях.
23. Основы методов анализа данных. Регрессионный анализ. Дискриминантный анализ. Методы кластеризации. Факторный анализ.
24. Понятия Datamining и Textmining.
25. Распознавание структурно-функциональных мотивов в генетических текстах. Понятие консенсуса, весовой матрицы. Оценка точности распознавания.
26. Методы распознавания промоторов.
27. Вероятностная модель последовательности. Определение вероятности получить данную последовательность по случайным причинам.
28. Представление генетического текста в виде марковской цепи. Условное и совместное распределение. Пример применения теоремы Байесса к определению типа последовательности.
29. Скрытые марковские модели. Вычисление переходных вероятностей, использование для распознавания. Алгоритм Витерби.
30. Методы оптимизации. Метод ветвей и границ. Метод динамического программирования. Градиентные методы. Генетические алгоритмы.
31. Понятие модели. Приемы и способы моделирования. Основные этапы построения математических моделей.
32. Понятие о фазовой плоскости и фазовом портрете системы. Стационарные состояния биологических систем.
33. Базовые модели математической биофизики (Триггер Жакоба и Моно, классические модели Лотки и Вольтерра, модели взаимодействия видов).
34. Основы кинетики ферментативных реакций. Фермент-субстратный комплекс. Теория Михаэлиса. Математические модели.
35. Основные методы и подходы к моделированию динамики молекулярно-генетических систем.
36. Моделирование мутаций в генных сетях.
37. Методы идентификации параметров математических моделей.
38. Физико-математические модели биомакромолекул. Модели подвижности ДНК.
39. Структурно-функциональная организация белковых молекул. Механизмы фолдинга белковых молекул.
40. Геномика: компьютерное картирование генов и геномов. Компьютерная протеомика

2. Учебно-методическое обеспечение и информационное обеспечение программы вступительного экзамена в аспирантуру по направленности (профилю) подготовки

по специальной дисциплине, соответствующей направленности (профилю) программы подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре

03.01.09 – Математическая биология, биоинформатика
(шифр) (наименование)

Литература:

1. Леск, А. Введение в биоинформатику / А. Леск; пер. с англ. под ред. д.б.н., проф. А.А. Миронова и д.х.н., проф. В.К. Швядаса. Москва: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009.- 318 с.
2. Хаубольд Б. (Бернхард), Вие Т, and Чудов С. В. (Переводчик). Введение в вычислительную биологию: эволюционный подход. Москва Ижевск [Ижевский] институт компьютерных исследований Регулярная и хаотичная динамика, 2011. 455 с.
3. Каменская М.А., Каменский А.А. Информационная биология: учебное пособие для студентов высш.учеб.заведений. Москва Академия, 2006. 368 с.
4. Волькенштейн, М.В. Биофизика [Электронный ресурс] : учебное пособие. / М.В. Волькенштейн. - 4-е стереотипное изд., перераб. и доп. – СПб. : Издательство «Лань», 2012. – 680 с. ЭБС «Лань». – Режим доступа http://e.lanbook.com/books/element.php?pl1_cid=25&pl1_id=3898
5. Игнасимуту С., Основы биоинформатики. - М.-Ижевск: НИЦ "Регуляторная и хаотическая динамика", Институт компьютерных исследований, 2007. - 320 с. Сетубал Ж., Мейданис Ж., Введение в вычислительную молекулярную биологию. - М.-Ижевск: НИЦ "Регуляторная и хаотическая динамика", Институт компьютерных исследований, 2007. - 420 с

Интернет-ресурсы:

Entrez cross-database search page - www.ncbi.nlm.nih.gov

Биоинформационные ресурсы для геномики и протеомики - www.expasy.org

Биологические банки и базы данных - www.nsu.ru/education/i4biol/noframes/reviewdb.html

Программы анализа полинуклеотидных и полипептидных последовательностей - <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>

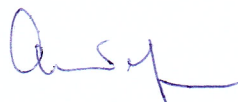
Программы множественного выравнивания - www.genome.jp/tools/clustalw/

Форум по молекулярной биологии - <http://molecularstation.com/>

Программа вступительного экзамена в аспирантуру составлена на основе федеральных государственных образовательных стандартов высшего образования по программам специалитета или магистратуры

Автор:

доцент каф.биохимии и биотехнологии



Акберова Н.И.

Рецензент:

доцент каф.биохимии и биотехнологии



Невзорова Т.А.