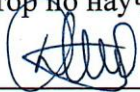


МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Казанский (Приволжский) федеральный университет»

УТВЕРЖДАЮ

Первый проректор –
проректор по научной деятельности


_____ Д.А. Тагорский

« 9 _____ 2024 г.



Программа
кандидатского экзамена
по научной специальности 1.5.8 Математическая биология, биоинформатика

Цель и задачи кандидатского экзамена по специальности 1.5.8 Математическая биология, биоинформатика.

Цель.

Кандидатский экзамен предназначен для определения уровня теоретической и практической подготовленности аспиранта к выполнению профессиональных задач, установленных федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования.

Задачи.

Задачами является выявление:

- теоретических и практических знаний и их применение в профессиональной деятельности;
- уровня владения понятийным аппаратом и умения им пользоваться при ответе;
- навыков систематизации полученных знаний, способности четко, логично и аргументированно излагать материал по избранной тематике.

Основные требования.

Программа составлена на основе паспорта научной специальности 1.5.8 Математическая биология, биоинформатика и федеральных государственных требований к структуре программ подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре (адъюнктуре), условиям их реализации, срокам освоения этих программ с учетом различных форм обучения и образовательных технологий.

Порядок проведения кандидатского экзамена.

Собеседование по вопросам экзаменационного билета, включающего два вопроса из списка представленных ниже вопросов

Критерии оценивания.

Оценка «отлично» выставляется, если аспирант дает полные, исчерпывающие и аргументированные ответы на все основные и дополнительные экзаменационные вопросы; ответы на вопросы отличаются логической последовательностью, четкостью в выражении мыслей и обоснованностью выводов; демонстрирует знание источников литературы, понятийного аппарата и умение ими пользоваться при ответе.

Оценка «хорошо» выставляется, если аспирант дает полные, исчерпывающие и аргументированные ответы на все основные и дополнительные экзаменационные вопросы; ответы на вопросы отличаются логичностью, четкостью, знанием понятийного аппарата и литературы по теме вопроса при незначительных упущениях при ответах.

Оценка «удовлетворительно» выставляется, если аспирант дает неполные и слабо аргументированные ответы на вопросы, демонстрирующие общее представление и элементарное понимание существа поставленных вопросов, понятийного аппарата и обязательной литературы.

Ответ оценивается «неудовлетворительно», если аспирант не понимает существа экзаменационных вопросов и не дает ответа на вопросы.

Вопросы программы кандидатского экзамена по научной специальности 1.5.8 Математическая биология, биоинформатика.

1. Основные процессы передачи информации в клетке. Репликация, транскрипция, сплайсинг, трансляция. Различие и сходство основных процессов в эукариотах и в прокариотах. Посттранскрипционные модификации РНК. Посттрансляционные модификации белков.
2. Структура ДНК в прокариотах и в эукариотах. Хроматин, основные уровни организации, гистоны, модификации хроматина. Роль хроматина в регуляции экспрессии генов.
3. Регуляция экспрессии генов. Основные уровни регуляции экспрессии. Регуляция транскрипции, транскрипционные факторы. Сходство и различие регуляции транскрипции в прокариотах и в эукариотах. Понятие о регуляторных модулях.
4. Регуляция трансляции. Регуляция инициации трансляции в прокариотах и в эукариотах. МикроРНК и механизм регуляции с помощью микроРНК. Стабильность РНК. РНКинтерференция.
5. Полиморфизмы. Признаки стабилизирующего и движущего отбора. Дрейф генов. Видообразование.
6. Медицинская генетика. Моногенные и полигенные заболевания, анализ семей, ассоциации и молекулярные причины заболеваний.
7. Понятие об основных экспериментальных методах молекулярной биологии. ПЦР, секвенирование, секвенирование нового поколения, микрочипы, белок-белковые взаимодействия, иммунопреципитация хроматина, ChIP-chip, ChIP-seq, масс-спектрометрия. Точность данных массовых экспериментов.
8. Случайные величины, распределения, математическое ожидание и дисперсия, основные распределения.
9. Основы методов анализа данных. Выборка, нулевая гипотеза.
10. Критерии χ -квадрат, Фишера, Стьюдента, Колмогорова. Коэффициент корреляции и регрессия. Непараметрические критерии.
11. Множественное тестирование. Дисперсионный анализ. Байесовский подход.
12. Корреляционный анализ. Регрессионный анализ.
13. Дискриминантный анализ. Методы кластеризации. Факторный анализ.
14. Понятия Datamining и Textmining.
15. Теоретическая информатика. Основные структуры данных: списки, стек, очередь, бинарное дерево поиска.
16. Понятие алгоритма. Вычислительная сложность алгоритмов.
17. Методы сравнения алгоритмов. Алгоритмы на графах, Эйлеров цикл, поиск оптимального пути.
18. Алгоритмы для строк. Конечные автоматы, суффиксное дерево и суффиксный массив, регулярные выражения.
19. Понятие об NP-полных задачах. Примеры NP-полных задач.
20. Стохастические алгоритмы. Реляционные базы данных, язык SQL.
21. Интернет-технологии в биоинформатике.
22. Языки программирования в биоинформатике. Сравнительный анализ средств программирования.

23. Типы и качество данных. Биологические базы данных. Первичные (архивные), курируемые и производные базы данных.
24. Выравнивание. Методы выравнивания: парное и множественное, локальное и глобальное.
25. Алгоритм глобального выравнивания Нидльмана-Вунша (Needleman-Wunsh). Алгоритм локального выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman). Биологический смысл выравнивания. Понятие о «золотом стандарте».
26. Алгоритмы динамического программирования. Статистическая значимость выравнивания. Линейное и логарифмическое поведение веса выравнивания.
27. Методы быстрого поиска сходства BLAST, FASTA.
28. Скрытые Марковские модели. Определение параметров моделей. Скрытые Марковские модели для выравнивания. Алгоритм Витерби. Субоптимальные выравнивания.
29. Множественное выравнивание последовательностей. Динамическое программирование для множественного выравнивания. Прогрессивное выравнивание. Улучшение выравнивания.
30. Реконструкция эволюции по последовательностям. Укоренённые и неукоренённые филогенетические деревья. Основные методы реконструкции филогении.
31. Геномы, размер геномов бактерий и эукариот. Метагеномы. Контиги. Расшифровка геномов и сборка контигов.
32. Структура геномов прокариот. Особенности бактериальных геномов.
33. Особенности геномов эукариот. Геном человека и млекопитающих. Полиморфизмы человека.
34. Аннотация геномов. Предсказание генов. Функциональная аннотация. Использование сходства. Сравнительный анализ геномов.
35. Доменные перестройки. Семейства доменов. Методы идентификации доменов в последовательности. Гомологи, ортологи и паралоги. Методы определения ортологичности.
36. Метаболическая реконструкция. Совместная представленность генов в геномах, колокализация, корегуляция, коэкспрессия. Базы данных метаболических путей.
37. Транскриптом. Методы определения транскриптомов. Методы анализа транскриптомов. Тканевая специфичность транскриптомов. Состав транскриптома, анализ сплайсинга. Приложения к исследованию заболеваний и диагностике.
39. Протеом. Методы определения протеома. Пост-трансляционные модификации белков. Определение посттрансляционных модификаций. Участие модификаций белков в регуляторных каскадах.
40. Эпигеномика. Методы определения эпигенома. Роль эпигенома в регуляции экспрессии генов.
41. Типы регуляторных взаимодействий. Регуляторные каскады. Системная биология. Построение и анализ регуляторных сетей. Роль системной биологии в поиске мишеней для лекарственных средств.
42. Нуклеиновые кислоты. Биологическая роль. Роль ДНК в биосинтезе белка. Химическое строение и пространственная структура нуклеиновых кислот. Разнообразие формы структур ДНК и РНК. Вода и нуклеиновые кислоты. Взаимодействие нуклеиновых кислот с белками.
43. Белки. Физико-химические свойства и системы классификации. Иерархия уровней пространственной организации белков. Регулярные структуры полипептидной цепи: α -спираль, β -тяжи и β -листы, их распространение и роль в структурах белков.
44. Пространственная структура белков. Отличия в структурной организации глобулярных и фибриллярных белков.
44. Распознавание функциональных сайтов и мотивов в белках.
45. Биологическая роль белков. Ферменты: классификация; соответствие структуры и функции. Регуляторные белки. Мембранные белки, особенности их строения и функции.

46. Основные методы расшифровки пространственных структур биомолекул. Особенности моделей, получаемых этими методами. Методы оценки качества пространственной модели белка.
47. Основы анализа пространственной структуры макромолекул. Поверхность макромолекулы, алгоритмы её вычисления. Гидрофобность молекулы белка, алгоритмы ее нахождения.
48. Структурные домены белков, алгоритмы их нахождения. Пространственное выравнивание структур белков. Структурные классификации доменов.
49. Физические взаимодействия, определяющие пространственную структуру биомолекул. Конформации и конформационная подвижность биомолекул.
50. Понятие эмпирического силового поля. Параметризация валентных и невалентных взаимодействия в биополимерах.
51. Роль растворителя в структурной организации биополимеров. Гидрофобные взаимодействия в биомолекулярных системах. Шкалы гидрофобности. Методы учета влияния растворителя в расчетах энергии биомолекулярных систем.
52. Самоорганизация пространственной структуры биополимеров. Парадокс Левинталя. Динамика конформаций. Проблема сворачивания (фолдинга) биополимеров.
53. Ферментативный катализ химических реакций. Понятие молекулярного докинга. Докинг в разработке лекарственных средств.
54. Молекулярная динамика биомолекул. Подготовка системы к моделированию молекулярной динамики. Типы силовых полей. Моделирование динамики при постоянной энергии и постоянной температуре.
55. Равновесная и направленная (управляемая) молекулярная динамика. Возможности и ограничения моделирования молекулярной динамики.

Учебно-методическое обеспечение и информационное обеспечение программы кандидатского экзамена в аспирантуру по научной специальности 1.5.8 Математическая биология, биоинформатика.

Основная литература.

1. Володченкова Л.А. Биоинформатика [Электронный ресурс]: учебное пособие / Л.А. Володченкова. — Электрон. дан. — Омск: ОмГУ, 2018. — 44 с. — Режим доступа: <https://e.lanbook.com/book/110901>
2. Биотехнология, биоинформатика и геномика растений и микроорганизмов [Электронный ресурс]: материалы конференции. — Электрон. дан. — Томск: ТГУ, 2016. — 140 с. — Режим доступа: <https://e.lanbook.com/book/92007>
3. Исаева Н.М. Математическое моделирование в биологии [Электронный ресурс]: учебно-методическое пособие / Н.М. Исаева, И.В. Добрынина, Н.В. Сорокина. — Электрон. дан. — Тула: ТГПУ, 2018. — 63 с. — Режим доступа: <https://e.lanbook.com/book/113619>

Дополнительная литература.

1. Комбинаторика и теория вероятностей: Учебное пособие/ А.М. Райгородский - Долгопрудный: Интеллект, 2013. - 104 с ISBN 978-5-91559-147-8, 3000 экз. - Режим доступа: <http://znanium.com/catalog/product/510484>
2. Квантовые аспекты функционирования биологических структур: Монография/ЭбботтД.,

- Дэвис П.; Редактор Пати А. - Долгопрудный: Интеллект, 2014. - 320 с ISBN 978-5-91559-100-3 - Режим доступа: <http://znanium.com/catalog/product/510517>
3. Математика и загадочный генетический код: монография / В.М. Гупал. — 2-е изд. — М.: РИОР: ИНФРА-М, 2017. — 288 с. — (Научная мысль). — <https://doi.org/10.12737/6032>. - Режим доступа: <http://znanium.com/catalog/product/883158>
 4. 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.
 5. 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.
 6. Каменская М.А., Каменский А.А. Информационная биология: учебное пособие для студентов высш.учеб.заведений. Москва Академия, 2006. 368 с.
 7. 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
 8. 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
 9. Гланц С., Медико-биологическая статистика. Пер. с англ. - М. Практика, 1998. - 459с.

Информационное обеспечение.

1. Entrez cross-database search page - www.ncbi.nlm.nih.gov
2. Биоинформационные ресурсы для геномики и протеомики - www.expasy.org
3. Биологические банки и базы данных - www.nsu.ru/education/i4biol/noframes/reviewdb.html
4. Программы анализа полинуклеотидных и полипептидных последовательностей - <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>
5. Программы множественного выравнивания - www.genome.jp/tools/clustalw/
6. Форум по молекулярной биологии - <http://molecularstation.com/>