

БИЛЕТЫ КАНДИДАТСКОГО ЭКЗАМЕНА ПО СПЕЦИАЛЬНОСТИ
1.5.8. Математическая биология, биоинформатика (биологические науки)

БИЛЕТ 1

1. Уровни организации и уровни изучения живой материи: макромолекулы, клетки, органы, ткани, организмы, популяции, виды, биогеоценозы, биосфера. Биологическое разнообразие.
 2. Принципы регуляции внутренней среды животных организмов, адаптации к изменениям внешних условий. Модели гомеостаза.
 3. Моделирование биохимических реакций. Закон действующих масс. Правило суммирования локальных скоростей. Теорема Корзухина. Ферментативные реакции. Метаболические пути. Формула Михаэлиса-Ментен.
-

БИЛЕТ 2

1. Геномика: Компьютерное картирование генов и геномов. Метагеномика. Компьютерная протеомика.
 2. Классификации математических моделей. Статические и динамические модели. Регрессионные и механистические модели. Численные и структурные модели. Детерминированные и стохастические модели.
 3. Информационная поддержка исследований. Базы и банки биологических и медицинских данных.
-

БИЛЕТ 3

1. Эволюционная биоинформатика. Эволюция нуклеотидных и белковых последовательностей. Марковские модели эволюции. Эволюционное расстояние. Реконструкция филогенетических деревьев.
 2. Графы в описании биологических объектов. Моделирование с помощью графов и сетей. Генные сети. Логические подходы в моделировании генных сетей. Моделирование генных сетей с помощью обыкновенных дифференциальных уравнений.
 3. Проблемы информационного обеспечения биомедицинских исследований - фундаментальных и прикладных. Источники информации.
-

БИЛЕТ 4

1. Предметная область биоинформатики: изучение организации и функционирования биологических систем на основе теоретических представлений, методов и технических средств информатики. Уровни организации живой материи: макромолекулы, клетки, органы, ткани, организмы, популяции, виды, биогеоценозы, биосфера.
2. Теория принятия решений (исследование операций); концепции и механизмы оптимального выбора.
3. Текстовые модели представления знаний и данных. Форматы представления моделей биологических систем, SBML, SBGN.

БИЛЕТ 5

1. Взаимодействие биологических отраслей, математических дисциплин. История возникновения биоинформатики в ходе развития информационных наук и технологий. Фундаментальные и прикладные аспекты биоинформатики.
 2. Матричные биополимеры: ДНК, РНК и белки, компьютерное представление и модели.
 3. Информационный поиск. Основные понятия и виды поиска. Информационно-поисковые языки. Стратегии поиска. Функциональная эффективность поиска. Понятия об ассоциативном поиске и условиях его реализации.
-

БИЛЕТ 6

1. Базы и банки биологических и медицинских данных. Информационная поддержка исследований. Экспертные системы. Обработка данных. Классы структур данных: иерархические, сетевые и реляционные. Уровни представления данных. Языки описания и манипулирования данными.
 2. Моделирование реальных систем, процессов и явлений. Математические модели. Задачи и вопросы математического моделирования биологических систем. Прямые и обратные задачи моделирования. Явные и неявные подходы к решению обратных задач. Компьютерное моделирование, имитационные и агентные (индивидуально-ориентированные) модели. Внешнее и внутреннее представление компьютерной модели.
 3. Экспрессия генов. Методы транскриптного секвенирования/RNA-seq. Постановка эксперимента. Структура конвейера биоинформатической обработки данных секвенирования транскриптома. Использование референсного генома и сборка de novo для реконструкции транскриптома.
-

БИЛЕТ 7

1. Понятие «биологическая информация». Принципы восприятия, передачи и обработки информации в организме. Взаимосвязь между биоинформатикой и системной биологией.
 2. Индивидуальное развитие организмов. Морфогенез. Моделирование индивидуального развития организмов, дифференцировки и специализации клеток, запрограммированной гибели клеток (апоптоза).
 3. Оценка уровня экспрессии РНК. Дифференциальная экспрессия генов. Основные статистики. Аннотация генов. База данных Gene Ontology (GO). Анализ обогащения групп генов терминами GO. Проблема множественной проверки гипотез.
-

БИЛЕТ 8

1. Сравнение последовательностей ДНК/РНК и белков. Постановка задачи, методы выравнивания - парное и множественное, локальное и глобальное. Алгоритмы выравнивания Нидлмана-Вунша и Смита-Уотермана. Быстрый поиск сходства. Программы выравнивания последовательностей.
 2. Экологическое моделирование. Сообщества организмов. Популяции. Биогеоценозы. Динамика численности сообществ. Методы анализа и моделирования экологических процессов.
 3. Структура гена про- и эукариот. Основная догма биологии. Распознавание генов в геномных последовательностях.
-

БИЛЕТ 9

1. Генные сети. Особенности структуры и функционирования. Методы реконструкции генных сетей (взаимодействие, ко-экспрессия, регуляция и т.п.). Филостратиграфический анализ генов и генных сетей. Генные сети как платформа для моделирования эволюционных процессов. Моделирование генных сетей с помощью обыкновенных дифференциальных уравнений.
 2. Классификации математических моделей. Статические и динамические модели. Регрессионные и механистические модели. Численные и структурные модели. Детерминированные и стохастические модели.
 3. Конвейерная обработка данных, понятие pipeline.
-

БИЛЕТ 10

1. Системная биология и биоинформатика. Задачи, предметы и методы исследования, области применения. Базы данных в биоинформатике.
 2. Теории видообразования. Моделирование эволюционных процессов. Индексы молекулярной эволюции.
 3. Множественное выравнивание последовательностей. Профиль, весовая матрица. Поиск сайтов в последовательностях ДНК. Поиск белковых доменов. Программы и базы данных по мотивам и сайтам ДНК и белковым доменам. Предсказание белковой структуры. Методы на основе шаблона, de novo. Моделирование белковых структур, молекулярная динамика.
-

БИЛЕТ 11

1. Компьютерная протеомика. Структура и функция белка. Уровни структурной организации. Первичная, вторичная, третичная и четвертичная структуры. Домены. Проблема укладки белка (фолдинг). Сравнение белковых структур. Особенности эволюции белковых последовательностей и структур. Молекулярный докинг.
 2. Метаболические пути и метаболические сети. Регуляция метаболизма. Моделирование метаболизма. Ферментативные реакции. Моделирование регуляции ферментативной активности. Моделирование с помощью анализа баланса потоков (flux balance analysis).
 3. Форматы представления данных системной биологии. SBML, SBGN. Программные средства и библиотеки для работы с этими форматами.
-