

ПРОГРАММА ВСТУПИТЕЛЬНОГО ИСПЫТАНИЯ ПО АЛГОРИТМИЧЕСКОЙ БИОЛОГИИ ДЛЯ ПОСТУПАЮЩИХ В МАГИСТРАТУРУ ДЛЯ КОНКУРСНЫХ ГРУПП ФБМФ

Регламент

Вступительное испытание будет состоять из устного экзамена по вопросам, представленным ниже. Билет состоит из двух вопросов, по одному из каждого блока, на подготовку дается 45 минут. На ответ отводится до 20 минут. Могут задаваться дополнительные вопросы (до шести суммарно за билет).

Блок 1

1. Структура ДНК и механизм наследственности. Неканонические структуры ДНК. Гиперхромный эффект. Суперспирализация кольцевых геномов и плазмид. ДНК, хромосомы и клеточный цикл. Упаковка ДНК в хроматиновое волокно у эукариот. Устройство нуклеосомы. Гистоновый код.
2. Репликация ДНК. Полимеразы, участвующие в репликации, их ферментативная активность. Репликационная вилка и ее компоненты. Топологические проблемы репликации кольцевых и линейных геномов.
3. Классификация повреждений ДНК и механизмы их коррекции. Болезни, обусловленные дефектами репарации. Применение ДНК-повреждающих агентов в медицине. Реакция клеток на двухцепочечные разрывы в ДНК. Метод TUNEL.
4. Гомологичная рекомбинация ДНК и ее биологические функции. Консервативная сайт-специфическая рекомбинация. Жизненный цикл фага λ . Основные классы мобильных генетических элементов. Alu и B1 повторы. Особенности рекомбинации при образовании генов иммуноглобулинов и рецепторов Т-клеток.
5. Использование механизмов репарации ДНК для редактирования геномов. Системы рестрикции-модификации, их назначение у бактерий и использование в геномной инженерии.
6. Технологии редактирования генома: цинковые пальцы, TALEN белки, CRISPR. Назначение системы CRISPR/Cas у бактерий.
7. Транскрипция ДНК, суперспиральные витки и нуклеосомы. Структура РНК- полимеразы. Стадии транскрипционного цикла и принципы регуляции.

Аттенюация транскрипции. Общие черты и отличия транскрипции у бактерий и у эукариот.

8. Основные механизмы процессинга мРНК: кэпирование, полиаденилирование и сплайсинг интронов. Современные представления о механизмах сплайсинга.
9. Современные представления об устройстве, функционировании и эволюционной истории рибосомы эукариот.
10. Генетический код. Рамки считывания. Структура и функции тРНК. Аминоацил- тРНК-синтетазы.
11. Инициация трансляции: общие механизмы и особенности у прокариот и эукариот. РНК-структуры, регулирующие эффективность трансляции. Элонгационный цикл. Терминация трансляции.
12. Основные принципы регуляции трансляции. Фолдинг белков и их процессинг. Посттрансляционная модификация белков. Пептидная связь. Первичная, вторичная, третичная структура белка.
13. Основные представления о строении эукариотической клетки. Назначение клеточных органелл. Митоз и его фазы. Клеточный цикл, стадии клеточного цикла. Дифференцировка клеток.
14. Регуляторные участки в геноме: промотор, ТАТА-бокс, энхансер, сайленсер, инсулятор. Разнообразие и функции коротких белок-некодирующих РНК. РНК-интерференция. Биологическая роль РНК-интерференции. siRNA. Прикладное использование РНК-интерференции.
15. Принцип полимеразно-цепной реакции. ПЦР в реальном времени. ПЦР с обратной транскрипцией.
16. Методы секвенирования ДНК. Секвенирование по Сенгеру. Секвенирование нового поколения.

Литература:

1. Албертс Б., Брей Д. и др. Молекулярная биология клетки. Том 1 -3;
2. Биохимия человека: [Учеб.]: В 2 тт. / Р. Марри, Д. Греннер, П. Мейес, В. Родуэлл; Пер. с англ. к. ф.-м. н. В. В. Борисова и Е. В. Дайниченко Под ред. д. х. н. Л. М. Гиодмана. — М.: Мир, 2004.

1. Теория вероятностей: Случайная величина, функция распределения. Математическое ожидание, дисперсия, корреляция, ковариации, их свойства.
2. Теория вероятностей: Основные теоремы теории вероятностей. Неравенство Чебышева. Закон больших чисел. Центральная предельная теорема.
3. Теория вероятностей: Распределения. Стандартные дискретные и непрерывные распределения, их математические ожидания, дисперсии и свойства (биномиальное, равномерное, нормальное, пуассоновское, показательное, геометрическое).
4. Теория вероятностей: Понятие о цепи Маркова. Стационарное состояние.
5. Программирование, алгоритмы и анализ данных. Простейшие конструкции языка программирования. Циклы, ветвления, рекурсия.
6. Программирование и алгоритмы: двоичный поиск и деревья поиска. Хэш-таблицы.
7. Программирование и алгоритмы: Графы, обход графа в ширину и в глубину.
8. Программирование и алгоритмы: Сортировки, средняя и наихудшая сложность алгоритмов.
9. Программирование и алгоритмы: Регулярные выражения.
10. Статистика и анализ данных: Выборка, правдоподобие.
11. Статистика и анализ данных: Оценивание параметров распределений, метод максимального правдоподобия.
12. Статистика и анализ данных: Доверительные интервалы.
13. Статистика и анализ данных: Основные понятия машинного обучения. Отложенная выборка, ее недостатки. Кросс-валидация. Leave-one-out. Переобученность.
14. Статистика и анализ данных: Кластеризация. Алгоритм K-Means. Оценки качества кластеризации.

Литература:

1. Гнеденко Б.В. Курс теории вероятностей, УРСС. М.: 2001;
2. Гнеденко Б.В., Хинчин А.Я. Элементарное введение в теорию вероятностей, 1970;

3. Кормен Т., Лейзерсон Ч., Ривест Р., Штайн К. Алгоритмы: построение и анализ, издание. -М. Издательский дом Вильямс, 2005;
4. К.В. Воронцов. Машинное обучение, курс лекций. <https://clck.ru/JF9R>