

# ПРОГРАММА ВСТУПИТЕЛЬНОГО ИСПЫТАНИЯ ПО БИОТЕХНОЛОГИИ ДЛЯ ПОСТУПАЮЩИХ В МАГИСТРАТУРУ ПО КОНКУРСНОЙ ГРУППЕ «APPLIED BIOINFORMATICS»

Вступительный экзамен будет проходить в устной форме с предварительной подготовкой ответов на вопросы по следующим темам (1 вопрос из каждого блока).

Во время собеседования с экзаменатором вы сможете рассказать о своих достижениях в области молекулярной биологии, биоинформатики и т.д. Лучше заранее приготовить свое портфолио.

В зависимости от интересующей специализации, вам могут быть заданы дополнительные вопросы. Это могут быть простые задачи по биохимии. Примеры вы можете найти в списке вопросов в блоке

2. Вопросы, связанные с предметом биоинформатика во время приема на эту специальность, могут включать простые задачи: написать короткую программу или найти ошибку в коде. Вы можете использовать разные языки программирования. Желательно Python. Больше информации по этой программе, а также подготовительные тесты можно найти по ссылке <https://bioinformatics.mipt.ru/>

## Блок 1. Биоинформатика

1. Теории вероятностей: Условные вероятности. Определение условной вероятности, формула полной вероятности, формула Байеса. Независимость событий.
2. Теория вероятностей: Случайная величина, функция распределения. Математическое ожидание, дисперсия, корреляция, ковариации, их свойства.
3. Теория вероятностей: Основные теоремы теории вероятностей. Неравенство Чебышева. Закон больших чисел. Центральная предельная теорема.
4. Теория вероятностей: Распределения. Стандартные дискретные и непрерывные распределения, их математические ожидания, дисперсии и свойства (биномиальное, равномерное, нормальное, пуассоновское, показательное, геометрическое).
5. Теория вероятностей: Понятие о цепи Маркова. Стационарное состояние.
6. Программирование, алгоритмы и анализ данных. Простейшие конструкции языка программирования. Циклы, ветвления, рекурсия.
7. Основные команды UNIX.
8. Программирование и алгоритмы: двоичный поиск и деревья поиска. Хэш-таблицы.
9. Программирование и алгоритмы: Графы, обход графа в ширину и в глубину.
10. Программирование и алгоритмы: Сортировки, средняя и наихудшая сложность алгоритмов.
11. Программирование и алгоритмы: Регулярные выражения.
12. Статистика и анализ данных: Выборка, правдоподобие.
13. Статистика и анализ данных: Оценивание параметров распределений, метод максимального правдоподобия.
14. Статистика и анализ данных: Доверительные интервалы.

15. Статистика и анализ данных: Основные понятия машинного обучения. Отложенная выборка, ее недостатки. Кросс-валидация. Leave-one-out. Переобученность.

16. Статистика и анализ данных: Кластеризация. Алгоритм K-Means. Оценки качества кластеризации.

## **Блок 2: Молекулярная биология и биохимия**

1. Молекулярная биология: центральная догма молекулярной биологии.
2. Структура ДНК и механизм наследования. Неканонические ДНК структуры. Гиперхромный эффект. Суперспирализация кольцевых геномов и плазмид. ДНК, хромосомы и клеточный цикл. Упаковка ДНК в хромативное волокно у эукариота. Устройство нуклеосомы. Гистоновый код.
3. Репликация ДНК. Полимеразы, участвующие в репликации, их ферментативная активность. Репликационная вилка и ее компоненты. Топологические проблемы репликации кольцевых и линейных геномов.
4. 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
5. Гомологичная рекомбинация ДНК и ее биологические функции. Консервативная сайт-специфическая рекомбинация. Основные классы мобильных генетических элементов. Повторы. Особенности рекомбинации при образовании генов иммуноглобулинов и рецепторов T-клеток.
6. Использование механизмов репарации ДНК для редактирования геномов. Системы рестрикции-модификации, их назначение у бактерий и использование в генной инженерии.
7. Технологии редактирования генома: цинковые пальцы, TALEN белки, CRISPR. Назначение системы CRISPR/Cas у бактерий.
8. Транскрипция ДНК, суперспиральные витки и нуклеосомы. Структура РНК-полимеразы. Стадии транскрипционного цикла и принципы регуляции. Атенуация транскрипции. Общие черты и отличия транскрипции у бактерий и у эукариотов.
9. Основные механизмы процессинга мРНК: кэпирование, полиаденилирование и сплайсинг интронов. Современные представления о механизмах сплайсинга.
10. Современные идеи о структуре, функционировании и истории эволюции эукариотов.
11. Генетический код. Рамки считывания. Структура и функция тРНК.
12. Инициация трансляции: общие механизмы и особенности у прокариота и эукариот. РНК-структуры, регулирующие эффективность трансляции. Элонгационный цикл. Терминация трансляции.
13. Основные принципы регуляции трансляции. Фолдинг белков и их процессинг. Посттрансляционная модификация белков. Пептидная связь. Первичная, вторичная, третичная структура белка.
14. Основные идеи о структуре эукариотической клетки. Назначение клеточных органелл. Митоз и его фазы. Клеточный цикл, стадии клеточного цикла. Дифференцировка клеток

15. 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.
16. Принцип полимеразно-цепной реакции. ПЦР в реальном времени. ПЦР с обратной транскрипцией.
17. Методы секвенирования ДНК. Секвенирование по Сенгеру. Секвенирование нового поколения.
18. Молекулярная биология: геном, ген, CG-состав, генетический код, его вырожденность и универсальность, рибосома, нуклеотиды, аминокислоты, тРНК, комплементарность, сайт связывания рибосомы, рамка считывания, вторичная структура РНК.
19. Биохимия: вычисление значения pH в нМ раствора соляной кислоты.
21. Биохимия: указать возможное количество изомерных трипептидов, которое может быть получено путем конденсации трех аминокислот - лейцина, аргинина и глицина.
22. Биохимия: крахмал и целлюлоза состоят из одного и того же мономера - глюкозы. Объясните возможные причины различий физико-химических свойств этих полисахаридов.
23. Биохимия: мембранные фосфолипиды несут значительный заряд. Что означает этот заряд? Какие ионы могут компенсировать этот заряд?
24. Биохимия: Концентрация субстрата ферментативной реакции составляет 4 константы Михаэлиса. Какое будет соотношение скорости этой реакции?
25. Биохимия: жиры делятся на насыщенные (твердые) и ненасыщенные (жидкие) по составу высших жирных кислот. Какие жиры будут иметь более высокое содержание энергии на грамм вещества? Объясни свой ответ.
26. Биохимия: некоторые типы РНК (тРНК, рРНК и т. Д.) образуют стабильные вторичные структуры (шпильки). Как их границы могут быть определены по первичной последовательности РНК?
27. Биохимия: какие параметры аминокислот нужно учитывать при прогнозировании трансмембранных областей белков?

## **Литература**

- [1] Alberts B. et al. Molecular Biology of the Cell in Cell 4th. – 2002.
- [2] Murray R. K. et al. Harper's illustrated biochemistry. – Mcgraw-hill, 2014.
- [3] "Introduction to bioinformatics algorithms" Jones, Pevzner
- [4] "Bioinformatics - From Genome to Therapies" - Lengauer et al (2007)