

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ



Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования  
«Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»  
(ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева)

---

Институт агrobiотехнологии

## **ПРОГРАММА ВСТУПИТЕЛЬНОГО ИСПЫТАНИЯ ПО СПЕЦИАЛЬНОЙ ДИСЦИПЛИНЕ**

*для поступающих на обучение по программам подготовки  
научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре в 2025 году*

**ПО НАУЧНОЙ СПЕЦИАЛЬНОСТИ 1.5.8. Математическая биология,  
биоинформатика**

Москва, 2024

## **1. Цель и задачи программы**

Данная программа предназначена для подготовки к вступительным испытаниям по специальной дисциплине по научной специальности 1.5.8 – Математическая биология, биоинформатика.

Программа вступительных испытаний подготовлена в соответствии с федеральными государственными образовательными стандартами высшего образования (уровень магистра или специалиста).

Целью программы является подготовка претендентов к сдаче вступительного экзамена по специальной дисциплине на обучение по программам подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре. Цель экзамена – установить глубину профессиональных знаний соискателя и степень подготовленности к самостоятельному проведению научных исследований.

Задачи программы – ознакомить поступающих с необходимым объемом знаний в области биологии, биоинформатики, математического моделирования и системной биологии.

## **2. Содержание программы**

### **Раздел № 1. «Информация в биологии. Базы данных биологических последовательностей и путей»**

Типы биоинформатических данных. Базы данных биологических последовательностей. Биологические пути. Базы данных биологических путей. Геномные браузеры. NCBI. Формат представления данных. Мировые центры биотехнологической и молекулярно-биологической информации.

### **Раздел № 2. «Выравнивание биологических последовательностей. Филогения»**

Понятие гомологии и подобия. Парное выравнивание. Множественное выравнивание. Глобальное выравнивание. Локальное выравнивание. Алгоритмы динамического программирования. Матрицы замен. BLAST. Филогения. Программа MEGA. Построение филогенетических деревьев. Оценка филогенетических деревьев.

### **Раздел № 3. «Анализ белков и других химических соединений»**

Уровни структуры белка. Анализ структуры белка. Анализ функции белка. Базы данных белков. Сравнение структуры и функций белка. Базы данных различных химических соединений. Web-ресурсы для исследования белков. Поиск химической структуры. PDB. UniProt. Drug Bank. Молекулярный докинг.

### **Раздел № 4. «Математическое моделирование в биологии»**

Модели непрерывного роста. Модели с запаздыванием. Линейный анализ популяционных моделей с запаздыванием: периодические решения.

Рациональное использование одиночной естественной популяции.  
Популяционная модель с возрастным распределением.

Простые модели. Устойчивость, периодические решения и бифуркации.  
Дискретные модели с запаздыванием. Рост опухолевых клеток.

Модели хищник-жертва: система Лотки-Вольтерра. Сложность и устойчивость. Модели конкуренции: принцип конкурентного исключения.  
Дискретные модели роста взаимодействующих популяций.

Простые эпидемиологические модели и их практическое применение.  
Моделирование популяционной динамики приобретенного иммунитета к паразитарной инфекции. Возрастная эпидемиологическая модель и пороговый критерий.

Предпосылки и распространяющиеся волны. Зависящие от плотности модели реакция-диффузия и некоторые точные решения. Волны в кинетических моделях со множественными стационарными состояниями: распространение и контроль популяции насекомых. Скорости волн заселения при разной способности особей к распространению. Вторжение видов и расширение границ ареала.

### **3. Перечень вопросов к вступительным испытаниям**

1. Типы данных в биоинформатике.
2. Классификация баз данных.
3. Базы данных ДНК.
4. Базы данных белков.
5. Базы данных биологических путей.
6. Геномные браузеры.
7. Ключевые элементы NCBI.
8. Аннотирование биологических последовательностей.
9. Формат FASTA
10. Библиотека PubMed.
11. EMBL-EBI.
12. Структура геномного браузера Ensembl.
13. Аннотация генов Ensembl.
14. GENCODE.
15. Геномный браузер UCSC.
16. Гомология, подобие, идентичность, консервативность.
17. Определение счета парного выравнивания.
18. Глобальное и локальное парное выравнивание.
19. Матрица замен PAM.
20. Матрица замен BLOSUM.
21. Точечная матрица выравнивания последовательностей.
22. Алгоритм глобального парного выравнивания Нидлмана-Вунша.
23. Алгоритм локального парного выравнивания Смита-Уотермана.
24. Структура и разновидности BLAST.
25. Основные этапы поиска BLAST.
26. Алгоритм и интерпретация результатов BLAST.

27. Ключевые этапы множественного выравнивания биологических последовательностей.
28. Программы для множественного выравнивания.
29. Молекулярная эволюция: определение и гипотезы.
30. Филогенетический анализ.
31. Программа MEGA: структура и функции.
32. Анализ экспрессии генов с помощью микрочипов
33. KEGG.
34. BioСус.
35. Уровни структуры белка.
36. Методы изучения свойств белков.
37. Web-ресурсы для исследования белков.
38. PDB.
39. Поиск химической структуры (ресурсы, алгоритмы).
40. UniProt: структура и функции
41. Молекулярный докинг: определение, оценочные функции, программы.
42. Методы предсказания свойств белков.
43. Предсказание функций белков.
44. Анализ метаболизма химических соединений.
45. Базы данных химических соединений.
46. База данных Metrabase.
47. Базы данных ферментов, метаболитов и метаболических путей.
48. Биотехнические системы и биоинформационные ресурсы.
49. Биоинформатика в биотехнологии.
50. Формы представления филогенетических деревьев.
51. Методы построения филогенетических деревьев.
52. Непрерывные популяционные модели для одного вида.
53. Дискретные популяционные модели для одного вида.
54. Модели взаимодействующих популяций.
55. Динамика инфекционных заболеваний: эпидемиологические модели и СПИД.
56. Биологические волны: однокомпонентные модели.
57. Математическое моделирование в биологии.
58. Модель и моделирование.
59. Классификация моделей.
60. Классификация моделирования.

### **Основная литература**

1. Смиряев А.В., Панкина Л.К. Основы биоинформатики: Учебное пособие. М.: ФГОУ ВПО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 2008. 102 с.
2. Стефанов В.Е., Тулуб А.А., Мавропуло-Столяренко Г.Р. Биоинформатика: учебник для академического бакалавриата. М.: Издательство Юрайт, 2017. 252 с.

### Дополнительная литература

1. Бородовский М., Екишева С. Задачи и решения по анализу биологических последовательностей. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2008. 440 с.
2. Дурбин Р., Эдди Ш., Крэг А., Митчисон Г. Анализ биологических последовательностей. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2006. 480 с.
3. Игнасимуту С. Основы биоинформатики. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2007. 320 с.
4. Каменская М.А. Информационная биология: учеб. пособие для студентов вузов, обучающихся по направлению подгот. бакалавров и магистров 020200 «Биология» и биол. специальностям. М.: Academia, 2006. 360, [1] с. : ил.
5. Леск А. Введение в биоинформатику; пер. с англ. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. 318 с.:ил., [4] с. цв. вкл.
6. Мюррей Дж. Математическая биология. Т. I. Введение. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2009. 776 с.
7. Мюррей Дж. Математическая биология. Т. II. Пространственные модели и их приложения в биомедицине. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2011. 1104 с.
8. Плюснина Т.Ю., Фурсова П.В., Тёрлова Л.Д., Ризниченко Г.Ю. Математические модели в биологии: учебное пособие. Изд. 2-е, доп. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2014. 136 с.
9. Ризниченко Г.Ю. Лекции по математическим моделям в биологии. Изд. 2-е, испр. и доп. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», 2011. 560 с.
10. Системная компьютерная биология / отв. ред. Н.А. Колчанов, С.С. Гончаров, В.А. Лихошвай, В.А. Иванисенко; рос. Акад. Наук, Сиб. Отд-ние, Ин-т цитологии и генетики [и др.]. Новосибирск: Изд-во СО РАН, 2008. 769 с.
11. Структура и функционирование белков: Применение методов биоинформатики (под руководством Даниэля Джона Ригдена). Пер. с англ. / Под ред. В.Н. Новоселецкого. М.: УРСС: ЛЕНАНД, 2014. 424 с., цв. вкл.
12. Хаубольд Б., Вие Т. Введение в вычислительную биологию: эволюционный подход. М.-Ижевск: НИЦ «Регулярная и хаотическая динамика», Ижевский институт компьютерных исследований, 2011. 456 с.
13. Часовских Н.Ю. Биоинформатика: учебник. М.: ГЭОТАР-Медиа, 2020. 352 с.:ил.

**Составитель:**  
Доцент

  
(подпись)

Чередниченко М.Ю.