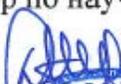


МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего
образования
"Казанский (Приволжский) федеральный университет"

УТВЕРЖДАЮ

Первый проректор –
проректор по научной деятельности


_____ Д.А. Таурский
« 30 _____ 2023 г.



Программа вступительного испытания по специальности

Уровень высшего образования: подготовка кадров высшей квалификации

Тип образовательной программы: программа подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре

Научная специальность: 3.3.9 Медицинская информатика

Форма обучения: очная

Общие указания

Вступительные испытания по образовательной программе высшего образования – программе подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре по научной специальности 3.3.9 Медицинская информатика охватывают стандартные разделы университетских курсов по биохимии, молекулярной биологии, информатике, математическим методам в биологии и медицине, компьютерным технологиям в биологии и медицине, статистической обработке результатов экспериментов. Подробное содержание разделов приведено ниже.

Порядок проведения вступительных испытаний

Вступительное испытание проводится в форме экзамена на основе билетов. В каждом экзаменационном билете по 2 вопроса. Экзамен проходит в письменной форме. Подготовка к ответу составляет 1 академический час (60 минут) без перерыва с момента раздачи билетов. Задания оцениваются от 0 до 100 баллов в зависимости от полноты и правильности ответов.

Критерии оценивания

Оценка поступающему за письменную работу выставляется в соответствии со следующими критериями.

Отлично (80-100 баллов)

Поступающий безошибочно ответил на вопросы, представленные в билете, а также продемонстрировал свободное владение материалом при ответе на дополнительные вопросы. При этом он обнаружил всестороннее, систематическое и глубокое знание материала, умение свободно выполнять задания, усвоил основную литературу и знаком с дополнительной литературой, рекомендованной данной программой, усвоил взаимосвязь основных понятий биологии, медицины и информатики в их значении для приобретаемой профессии, проявил творческие способности в понимании, изложении и использовании учебно-программного материала.

Хорошо (60-79 баллов)

Поступающий безошибочно ответил на вопросы, представленные в билете, но не точно или не в полном объеме раскрыл дополнительно заданные вопросы. При этом он обнаружил систематический характер знаний в области биологии и медицины способен к их самостоятельному пополнению и обновлению в ходе дальнейшей учебной работы и профессиональной деятельности.

Удовлетворительно (40-59 баллов)

Поступающий ответил на вопросы, представленные в билете, но затруднялся в ответах на дополнительные вопросы. При этом он обнаружил знание основ молекулярной биологии, математики, информатики в объеме, необходимом для дальнейшей учебы и предстоящей работы по профессии, знаком с основной литературой, рекомендованной данной программой, обладает необходимыми знаниями для устранения погрешностей, допущенных в ответе на экзамене, под руководством преподавателя.

Неудовлетворительно (менее 40 баллов)

Поступающий затруднялся в ответах на вопросы билета, отвечал только после наводящих вопросов, демонстрировал слабое знание при ответе на дополнительные вопросы либо не ответил ни на один из дополнительных вопросов. При этом он

обнаружил значительные пробелы в знаниях основ молекулярной биологии, математики, информатики, допустил принципиальные ошибки в ответах на вопросы билета и не способен продолжить обучение по медицинской информатике.

Вопросы программы вступительного испытания в аспирантуру по научной специальности 3.3.9 Медицинская информатика

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. 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.
3. Регуляция трансляции. Регуляция инициации трансляции в прокариотах и в эукариотах. МикроРНК и механизм регуляции с помощью микроРНК. Стабильность РНК. РНКинтерференция.
4. Медицинская генетика. Моногенные и полигенные заболевания, анализ семей, ассоциации и молекулярные причины заболеваний.
5. Понятие об основных экспериментальных методах в биологии и медицине. ПЦР, секвенирование, секвенирование нового поколения, микрочипы, белок-белковые взаимодействия, иммунопреципитация хроматина, ChIP-chip, ChIP-seq, масс-спектрометрия. Точность данных массовых экспериментов.
6. Случайные величины, распределения, математическое ожидание и дисперсия, основные распределения.
7. Основы методов анализа данных. Выборка, нулевая гипотеза.
8. Критерии χ -квадрат, Фишера, Стьюдента, Колмогорова. Коэффициент корреляции и регрессия. Непараметрические критерии.
9. Множественное тестирование. Дисперсионный анализ. Байесовский подход.
10. Корреляционный анализ. Регрессионный анализ.
11. Дискриминантный анализ. Методы кластеризации. Факторный анализ.
12. Понятия Datamining и Textmining.
13. Теоретическая информатика. Основные структуры данных: списки, стек, очередь, бинарное дерево поиска.
14. Понятие алгоритма. Вычислительная сложность алгоритмов.
15. Методы сравнения алгоритмов. Алгоритмы на графах, Эйлеров цикл, поиск оптимального пути.
16. Алгоритмы для строк. Конечные автоматы, суффиксное дерево и суффиксный массив, регулярные выражения.
17. Стохастические алгоритмы. Реляционные базы данных, язык SQL.
18. Интернет-технологии в биоинформатике.
19. Языки программирования в биоинформатике. Сравнительный анализ средств программирования.
20. Типы и качество данных. Биологические базы данных. Первичные (архивные), курируемые и производные базы данных.
21. Геномы, размер геномов бактерий и эукариот. Метагеномы. Контиги. Расшифровка

геномов и сборка контигов.

22. Структура геномов прокариот. Особенности бактериальных геномов.

23. Особенности геномов эукариот. Геном человека и млекопитающих. Полиморфизмы человека.

24. Аннотация геномов. Предсказание генов. Функциональная аннотация. Использование сходства. Сравнительный анализ геномов.

25. Транскриптом. Методы определения транскриптомов. Методы анализа транскриптомов. Тканевая специфичность транскриптомов. Состав транскриптома, анализ сплайсинга. Приложения к исследованию заболеваний и диагностике.

26. Протеом. Методы определения протеома. Пост-трансляционные модификации белков. Определение посттрансляционных модификаций. Участие модификаций белков в регуляторных каскадах.

27. Эпигеномика. Методы определения эпигенома. Роль эпигенома в регуляции экспрессии генов.

28. Типы регуляторных взаимодействий. Регуляторные каскады. Системная биология. Построение и анализ регуляторных сетей. Роль системной биологии в поиске мишеней для лекарственных средств.

29. 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.

30. Основные методы расшифровки пространственных структур биомолекул. Особенности моделей, получаемых этими методами. Методы оценки качества пространственной модели белка.

31. Основы анализа пространственной структуры макромолекул. Поверхность макромолекулы, алгоритмы её вычисления. Гидрофобность молекулы белка, алгоритмы её нахождения.

32. Физические взаимодействия, определяющие пространственную структуру биомолекул. Конформации и конформационная подвижность биомолекул.

33. Понятие эмпирического силового поля. Параметризация валентных и невалентных взаимодействия в биополимерах.

34. Роль растворителя в структурной организации биополимеров. Гидрофобные взаимодействия в биомолекулярных системах. Шкалы гидрофобности. Методы учета влияния растворителя в расчетах энергии биомолекулярных систем.

35. Понятие молекулярного докинга. Докинг в разработке лекарственных средств, драг-дизайн.

36. Молекулярная динамика биомолекул. Подготовка системы к моделированию молекулярной динамики. Типы силовых полей. Моделирование динамики при постоянной энергии и постоянной температуре.

**Учебно-методическое обеспечение и информационное обеспечение программы
вступительного испытания в аспирантуру по научной специальности
3.3.9 Медицинская информатика**

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>
4. 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>
5. Квантовые аспекты функционирования биологических структур: Монография/ЭбботтД., ДэвисП.; Редактор ПатиА. - Долгопрудный: Интеллект, 2014. - 320 с ISBN 978-5-91559-100-3 - Режим доступа: <http://znanium.com/catalog/product/510517>
6. 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>
7. 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.
8. 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.
9. Каменская М.А., Каменский А.А. Информационная биология: учебное пособие для студентов высш.учеб.заведений. Москва Академия, 2006. 368 с.
10. 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
11. 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
12. Гланц С., Медико-биологическая статистика. Пер. с англ. - М. Практика, 1998. - 459с.

Интернет-ресурсы:

Entrez cross-database search page - www.ncbi.nlm.nih.gov

Биоинформационные ресурсы для геномики и протеомики - www.expasy.org

Биологические банки и базы данных -

www.nsu.ru/education/i4biol/noframes/reviewdb.html

Программы анализа полинуклеотидных и полипептидных последовательностей - <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>

Программы множественного выравнивания - www.genome.jp/tools/clustalw/

Форум по молекулярной биологии - <http://molecularstation.com/>