

Министерство науки и высшего образования РФ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»



УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе

/Д.С. Гуц/

«30» октября 2023 года

ПРОГРАММА
вступительного испытания для поступающих в аспирантуру

1.5 Биологические науки

шифр и наименование группы научных специальностей

1.5.8 Математическая биология, биоинформатика

шифр и наименование научной специальности

Красноярск 2023

Данная программа базируется на следующих дисциплинах: биометрика, основы дендрохронологии, моделирование в биологии, моделирование в экологии, геномика, основы биоинформатики, филогенетический анализ, статистические методы для биоинформатиков.

Вопросы для вступительного испытания:

1. Объект и метод математической биологии. Понятие объекта и метода в методологии естественных наук. Место математической биологии в системе биологических и физических наук.
2. Теория вероятности и математическая статистика в биологии. Биологическая изменчивость и вероятность. Применение математической статистики. Планирование экспериментов. Случайные процессы. Физическое моделирование и метод Монте-Карло.
3. Процесс научного исследования. Научный метод. Значение математических моделей. Модели статистического вывода. Многообразие математических методов и их использование в биологии.
4. Объект и метод дендрохронологии. Получение измерений в дендрохронологических исследованиях. Методы оценки качества измерений в дендрохронологии и дендрэкологии.
5. Показатели годичного кольца древесных растений. Ширина годичного кольца. Ширина ранней и поздней древесины. Максимальная плотность древесины. Примеры.
6. Методы стандартизации показателей годичных колец древесных растений. Их роль и назначение при проведении дендрохронологических исследований.
7. Цифровая анатомия древесины. Понятия трахеидограммы. Радиальный размер клетки. Толщина клеточной стенки.
8. Методы стандартизации клеточных измерений.
9. Корреляционный анализ в дендрохронологии и дендрэкологии. Бутсрап корреляция. Статистические модели в дендрохронологии и дендрэкологии.
10. Теория классификации и ее использование в дендрохронологических исследованиях. X-, S-, D- проблемы классификации. Основные классификационные методы для их решения.
11. Имитационные модели роста древесных колец. Примеры. Их классификация. Основные отличия.
12. Имитационная модель Ваганова-Шашкина роста годичных колец хвойных (VS-модель). Входные и выходные данные. Краткое описание основного алгоритма.
13. Интегральная и частные скорости роста VS-модели. Их связь со скоростью деления камбия.
14. Камбиальный блок стандартной VS-модели. Кинетика камбиальной активности.
15. Ленточная модель камбиальной активности.

16. Ингибиторная модель камбия – VS-CD.
17. Параметризация многомерных моделей на примере VS-модели. Основные задачи параметризации.
18. Визуальный способ параметризации - VS-осциллограф.
19. Автоматическая параметризация и алгоритмы дифференциальной эволюции.
20. Центральная догма молекулярной биологии. Процессы репликации, транскрипции, трансляции. Генетический код.
21. Структура генов и геномов. Экзон-интронная структура. Хромосомы. Методы предсказания интрон-экзонной структуры, поиск ORF.
22. Транскрипция и её регуляция. Транскрипционные факторы. Структура и функция промотора, регуляторные элементы.
23. Структура и функция РНК. Трансляция, регуляция трансляции.
24. Методы секвенирования. Сравнительный анализ методов секвенирования и областей их применения. Оценка качества секвенирования.
25. Базы данных в биоинформатике. Геномные браузеры. Типы данных и форматы представления. Fasta, fastq, bed, sam/bam, vcf, gff/gtf. Преобразование форматов файлов.
26. Задача сравнения генетических и белковых последовательностей. Методы выравнивания: парное и множественное, оценка качества выравнивания.
27. Локальное и глобальное выравнивание. Алгоритм глобального выравнивания Нидлмана-Вунша (Needleman-Wunsh). Алгоритм локального выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman).
28. Пакет Blast. Назначение и основные возможности. Алгоритм.
29. Распознавание структурно-функциональных мотивов в генетических текстах. Методы поиска мотивов в наборе последовательностей, методы предсказания перепредставленных мотивов в наборе последовательностей. Понятие консенсуса, весовой матрицы. Оценка точности распознавания.
30. Основы методов анализа данных. Методы работы с пропущенными данными, импутация. Регрессионный анализ. Дискриминантный анализ. Методы кластеризации.
31. Статистические методы в биоинформатике. P-value, z-score, resampling. Определение вероятности получить последовательность по случайным причинам.
32. Понятие экспрессии генов. Дифференциальная экспрессия генов. Качество выравнивания, квантификация, TPM, FPKM. Поправка на множественное сравнение.

Литература

Основная:

1. Бейли Н. Т. Дж. Математика в биологии и медицине: Пер. с англ./ Н.Т.Дж. Бейнли — М.: Мир, 1970. — 326 с.
2. Ваганов Е.А. Рост и структура годичных колец хвойных / Е.А. Ваганов, А.В. Шашкин. – Новосибирск: Наука, 2000. – 232 с.
3. Халафян А.А. Statistica 6. Статистический анализ данных. : Учебник./ А.А. Халафян. – М.: Бином, 2007. – 512 с.
4. Прикладная статистика. Классификация и снижение размерности: справочное издание / С.А. Айвазян, В.М. Бухштайер, И.С. Енюков, Л.Д. Мешалкин; под ред. С.А. Айвазяна. – М.: Финансы и статистика, 1989. – 607 с.
5. Шишов В.В. Методы анализа дендроклиматических данных и их применение для территории Сибири. Учебное пособие. / В.В. Шишов, И.И. Тычков, М.И. Попкова. – Красноярск: ФГАОУ ВПО «Сибирский федеральный университет», 2015 – 210с. [http://vs-genn.ru/recent_publications/Shishov_book.pdf]
6. Methods of Dendrochronology. Application in the Environmental Sciences / Eds. E.R. Cook, L.A. Kairiukstis. – Dordrecht; Boston; London: Kluwer Acad. Publ., 1990. 394 p.
7. Vaganov E.A. Growth Dynamics of Conifer Tree Rings: Images of Past and Future./ E.A. Vaganov, M.K. Hughes, A.V. Shashkin// Ecological studies 183: Springer. – 2006. – 368 p.
8. Population Genomics. Concepts, Approaches and Applications/ Editor Om P. Rajora. – Springer Nature Switzerland AG, 2019 – 822 с.
9. Кребс Дж. Гены по Льюису / Дж. Кребс, Э. Голдштейн, С. Килпатрик ; пер. 10-го англ. изд. — 3-е изд. — М. : Лаборатория знаний, 2020 — 919 с.
10. Курникова, А.О. Биоинформатика и биоинформационные системы: назначение, функции, обзор и перспективы развития [Электронный ресурс]/ А.О. Курникова/, // Молодежный научно-технический вестник. 2015 (3):13-13. База данных: ELibrary.RU
11. Курс «Основы биоинформатики» [Электронный ресурс], Лекторий <http://lectoriy.mipt.ru/course/Biology-Bioinformatics-12L#lectures>
12. The NCBI Handbook [Internet]. 2nd edition. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US) [Электронный ресурс], 2013-. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/>
13. NCBI Video Vault. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US) [Электронный ресурс], 2013-. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK53261/>

Дополнительная:

1. Belousova D.A. VS-Cambium-Developer: A New Approach to Modeling the Functioning of the Cambial Zone of Conifers under the Influence of Environmental Factors. /D. A. Belousova, V.V. Shishov, E.A. Babushkina, E.A. Vaganov // Russian Journal of Ecology, 2021, V. 52. P. 358–367. <https://doi.org/10.1134/S1067413621050040>
2. Tychkov I.I. How can the parameterization of a process-based model help us understand real tree-ring growth?/ I.I. Tychkov, · I.V. Sviderskaya, · E.A. Babushkina, · M.I. Popkova, · E.A. Vaganov, V.V. Shishov // Trees - Structure and Function, 2019. V. 33(2). P. 345-357 DOI: 10.1007/s00468-018-1780-2
3. Shishov, V.V. VS-oscilloscope: a new tool to parameterize tree radial growth based on climate conditions./ V.V. Shishov, I.I. Tychkov, M.I. Popkova, V.A. Ilyin, M.V. Bryukhanova, A.V. Kirdyanov// Dendrochronologia, 2016. DOI: 10.1016/j.dendro.2015.10.001
4. Shishov V.V. Band Model of Cambium Development: Opportunities and Prospects./ V.V. Shishov, I.I. Tychkov, K.J. Anchukaitis, G.K. Zelenov, E.A. Vaganov // Forests, 2021. V. 12, 1361. <https://doi.org/10.3390/f12101361>
5. Леск, А. Введение в биоинформатику: учеб. пособие: пер. с англ./ А. Леск; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швядас. – Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2009. - 318с
6. Игнасимуту, С. Основы биоинформатики: перевод с английского / С. Игнасимуту – МоскваМосква [R&C Dynamics] Регулярная и хаотическая динамика [РХД] Ижевск Институт компьютерных исследований, 2007. – 316 с.
7. Введение в вычислительную биологию. Эволюционный подход = Introduction to Computational Biology. An Evolutionary Approach / Б. Хаубольд, Т. В.; под ред. И. И. Артамонова – Москва, Ижевск: Регулярная и хаотическая динамика Институт компьютерных исследований, 2011. – 455 с.
8. Козлов, Н.Н. Математический анализ генетического кода: монография / Н. Н. Козлов. - Москва: БИНОМ, Лаборатория знаний, 2010. - 215 с.
9. Попов, В. В. Геномика с молекулярно-генетическими основами. / В. В. Попов. - Изд. стер. - Москва: URSS : Либроком, 2014. - 298 с.
10. Введение в вычислительную биологию. Эволюционный подход = Introduction to Computational Biology. An Evolutionary Approach [Электронный ресурс]/ Б. Хаубольд, Т. В.; под ред. И. И. Артамонова – Москва, Ижевск: Регулярная и хаотическая динамика Институт компьютерных исследований, 2011. База данных: Коллекция Научной библиотеки СФУ
11. Петухов, С.В. Биоинформатика и матричная генетика живых систем [Электронный ресурс]/ С.В. Петухов, К.А. Скворчевский // Медицина и высокие технологии. 2013 (4):10-15. База данных: ELibrary.RU
12. Афонников, Д.А. Биоинформатика: метод во главе угла [Электронный ресурс] / Д.А. Афонников, В.А. Иванисенко // Наука из

первых рук, 1810-3960, 1 (49) 50-59, Россия, Новосибирск, 2013. База данных: CyberLeninka

13. Сетубал, Ж. Введение в вычислительную молекулярную биологию = Introduction to computational Molecular Biology: / Ж. Сетубал, Ж. Мейданис ; под ред. А. А. Миронов – Ижевск: Институт компьютерных исследований, 2007. – 420 с.
14. Каменская, М.А. Информационная биология / М. А. Каменская – М.: Академия, 2006. – 361 с.
15. Глик, Б. Молекулярная биотехнология: принципы и применение = Molecular Biotechnology: Principles and Applications of Recombinant DNA / Б. Глик, Д. Пастернак ; под ред. Н. К. Янковский - М.: Мир, 2002. – 589 с.

Программа соответствует паспорту номенклатуры специальностей научных работников.

Программу составил



д.т.н В.В. Шишов

И.о. директора Института фундаментальной биологии и биотехнологии



В.В. Шишов