

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕ-
ЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
**«РОССИЙСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ Н.И. ПИРОГОВА»**
МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова Минздрава России (Пироговский Университет)

Утверждено

Проректор по послевузовскому
и дополнительному образованию

_____ /О.Ф. Природова/

ПРОГРАММА
вступительного испытания
по специальной дисциплине для поступающих на обучение по программам
подготовки научных и научно-педагогических кадров в аспирантуре

Группа научных специальностей: 1.5. «Биологические науки»

Научная специальность: 1.5.8. «Математическая биология, биоинформатика»

Структура вступительного экзамена.

Форма проведения -устный опрос. Результат по билетам оценивается по 5 балльной шкале. Итоговая оценка выставляется комиссией на основе оценки за каждый вопрос.

Оценка уровня знаний (баллы):

Каждый вопрос оценивается по пятибалльной шкале.

"Отлично" – 5 баллов (по 5-балльной шкале);

"Хорошо" - 4 балла (по 5-балльной шкале);

"Удовлетворительно" – 3 балла (по 5-балльной шкале);

"Неудовлетворительно" - 0-2 балла (по 5-балльной шкале).

Критерии

	Баллы
Ответ полный без замечаний, продемонстрировано рабочее знание предмета.	5
Ответ полный, с незначительными замечаниями	4
Ответ не полный, существенные замечания	3
Ответ на поставленный вопрос не дан	0-2

Рекомендуемая литература

1. Леск А. Введение в биоинформатику. Москва: Изд. Бином, 2009, 2013, 2017 – 318 с.

Содержание

1. Основная догма молекулярной биологии. Генетический код.
2. Выравнивание последовательностей. FASTA формат.
3. Парное выравнивание последовательностей. Оценка сходства.
4. Матрицы аминокислотных замен (PAM, BLOSUM).
5. Алгоритм BLAST.
6. Алгоритм PSI-BLAST.
7. Выравнивание последовательностей с использованием методов динамического программирования.
8. Множественное выравнивание. Методы множественного выравнивания.
9. Базы данных NCBI.
10. Геномные браузеры.
11. База данных UniProt.
12. Базы данных KEGG.
13. База данных OMIM.
14. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги.
15. Филогенетические деревья.
16. Методы построения филогенетических деревьев.
17. Структура белков.
18. База данных PDB. PDB формат данных.
19. Экспериментальные методы определения трехмерных структур белков.
20. Методы моделирования трехмерных структур белков.