



**МИНОБРНАУКИ РОССИИ**  
**федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение**  
**высшего образования**  
**«Иркутский государственный университет»**  
**(ФГБОУ ВО «ИГУ»)**

**УТВЕРЖДАЮ**

Проректор по учебной работе  
Вокин А.И.



**ПРОГРАММА ВСТУПИТЕЛЬНОГО ИСПЫТАНИЯ**  
для поступающих по программам магистратуры на направление

**06.04.01 Биология,**  
**профиль «Биотехнология и биоинформационные системы»**

**Иркутск, 2024**

## 1. Пояснительная записка

Программа предназначена для подготовки к вступительному экзамену для поступающих в магистратуру биолого-почвенного факультета Иркутского государственного университета по направлению 06.04.01 Биология, направленности (профилю) подготовки «Биотехнология и биоинформационные системы».

Программа включает ключевые вопросы по базовым дисциплинам: Основы биологии, Цитология, Биохимия, Молекулярная биология, Введение в биотехнологию, Основы биоинформатики.

К абитуриентам, поступающим в магистратуру по профилю подготовки: «Биотехнология и биоинформационные системы» предъявляются высокие требования. Поступающий в магистратуру должен знать:

- современное состояние и перспективы развития биотехнологий, включая клеточную и молекулярную инженерию;
- основные этапы организации биотехнологических производств, основное оборудование и критерии оценки биотехнологических процессов, важнейшие биотехнологические производства и их соответствие требованиям безопасности;
- предмет, объекты, основные концепции информационной биологии, методы и алгоритмы получения, представления и анализа данных в биоинформатике;
- основы и методы математического моделирования различных биологических процессов и систем для практического применения полученных знаний и навыков для решения профессиональных задач.

**Цель** вступительного испытания: установление уровня подготовки поступающего в магистратуру к учебной и научной работе.

### **Задачи:**

- выявить наличие компетенций, необходимых для обучения в магистратуре по профилю подготовки «Биотехнология и биоинформационные системы».
- выявить способность абитуриента применять базовые знания и эффективно их использовать для решения фундаментальных профессиональных задач;
- оценить знание, умение и личные качества в соответствии с задачами

профессиональной подготовки магистра по профилю подготовки: «Биотехнология и биоинформационные системы».

## **2. Структура вступительного испытания**

Поступление в магистратуру осуществляется на конкурсной основе по результатам компьютерного тестирования в соответствии с магистерской программой.

Тестовые задания для вступительных экзаменов в магистратуру по профилю подготовки «Биотехнология и биоинформационные системы» состоят из 50 вопросов закрытого типа - к каждому заданию приводится четыре варианта ответа, из которых только один правильный.

В тесте представлены вопросы из таких областей как: Цитология, Биохимия, Молекулярная биология, Биотехнология, Биоинформатика.

Тесты составлены таким образом, чтобы при их решении абитуриенты не только продемонстрировали полученные знания по соответствующей дисциплине, но и оперировали ими, выполняли мыслительные операции, анализируя и конкретизируя предложенное содержание.

Советуем внимательно читать каждое задание и предлагаемые варианты ответа - отвечайте только после того, как вы поняли вопрос и проанализировали все варианты ответа. Выполняйте задания в том порядке, в котором они даны.

Баллы, полученные за выполненные задания, суммируются. Постарайтесь выполнить как можно больше заданий и набрать наибольшее количество баллов.

## **3. Система оценивания вступительного испытания**

За правильно выполненное задание ставится 2 балла. Задание считается выполненным, если указан правильный ответ. За выполнение заданий ставятся ноль баллов, если:

- указан неправильный ответ;
- ответ отсутствует.

Таким образом, максимальная оценка, которую может получить абитуриент, составляет 100 баллов. Минимальное количество баллов для успешного прохождения экзамена устанавливается правилами приема ежегодно.

#### **4. Продолжительность вступительного испытания**

Продолжительность тестирования составляет 1 час (60 минут) с момента объявления заданий вступительного испытания.

#### **5. Вопросы для подготовки к вступительному испытанию**

##### **Раздел 1. Общая биология**

##### **1.1. Клетка – основа жизни**

1. Структурная организация клеток. Мембранные и немембранные органеллы клеток. Клеточные мембраны. Мембранный транспорт, межклеточные контакты. Ядро клетки. Строение и функции хромосом. Экстрахромосомные детерминанты наследственности (плазмиды, ДНК митохондрий, ДНК хлоропластов).

2. Воспроизведение клетки, дифференциация, старение клетки. Жизненный цикл клетки. Деление клетки (митоз, amitoz, мейоз). Клеточная пролиферация, дифференциация клеток. Особенности стволовых клеток. Регуляция деления клеток. Молекулярные механизмы старения клеток (апоптоз, репликативное старение клеток).

3. Обмен веществ в клетке. Пластический обмен: автотрофная ассимиляция (фотосинтез и хемосинтез), гетеротрофная ассимиляция (синтез белков, жиров, углеводов, РНК ДНК, АТФ).

4. Обмен веществ в клетке. Энергетический обмен. Окисление без участия кислорода (гликолиз, брожение). Кислородное окисление или дыхание (окислительное декарбоксилирование пирувата, цикл Кребса, окислительное фосфорилирование в митохондриях).

##### **1.2. Структура и свойства биомолекул клетки**

1. Белки. Функции белков. Уровни структурной организации белков. Методы изучения структуры белков. Физико-химические свойства белков. Методы выделения и изучения белков. Фолдинг белка в клетке.

2. Ферменты. Классификация и номенклатура ферментов. Свойства ферментов. Изоферменты, мультиферменты, зимогены. Особенности ферментативного катализа.

3. Углеводы. Функции углеводов. Классификация и номенклатура.
4. Липиды. Функции липидов. Классификация и номенклатура. Перекисное окисление липидов. Антиоксидантная система.
5. Нуклеиновые кислоты. Структура нуклеотидов. Состав, строение и виды нуклеиновых кислот. Основные виды РНК эукариот: информационные и некодирующие РНК. Функции ДНК и РНК.

### **1.3. Принципы организации и пути реализации генетической информации в клетке**

1. Уровни упаковки ядерной ДНК в эукариотических клетках. Гистоны и негистоновые белки хроматина.

2. Понятие о геноме эукариот. Различия в размере геномов у разных групп эукариот. Некодирующие элементы генома эукариот. Основные виды некодирующей ДНК и их биологическая роль.

3. Понятие гена, основные гипотезы происхождения генов. Гомологичные гены. Ортологи и паралоги. Псевдогены. Мобильные генетические элементы и их типы. Способы транспозиции. Биологическое значение.

4. Молекулярные механизмы репликации, транскрипции и трансляции. Основные этапы и участники процесса. Репликация по типу катящегося кольца. Понятие об альтернативных «старт» и «стоп»-кодонах. Механизмы репарации ДНК. Обратная транскрипция и ее реализация в клетках. Ретротранспозоны. Теломеразы.

5. Молекулярные механизмы репликации РНК. Молекулярные механизмы процессинга мРНК у эукариот. Рибозимы. Сплайсосомы. Альтернативный сплайсинг, транс-сплайсинг. Структура зрелой мРНК эукариот. Редактирование РНК. Механизмы репарации РНК.

6. Генетический код и его свойства. Стандартный и альтернативные варианты. Рамки считывания. Предпочтение кодонов.

7. Молекулярно-биологические методы изучения нуклеиновых кислот. Полимеразная цепная реакция (ПЦР). Классические методы секвенирования ДНК и методы нового поколения. ДНК-штрихкодирование. ДНК-дактилоскопия.

## **Раздел 2. Биотехнология**

## **2.1 Биообъекты и способы их совершенствования**

1. Понятие «биообъект». Требования к объектам для биотехнологических процессов.

2. Совершенствование биообъектов методами мутагенеза, селекции, методами клеточной и генетической инженерии. Совершенствование биообъектов - продуцентов лекарственных веществ.

3. Работа со штаммами. Представление о подготовке посевного материала. Музеи штаммов на промышленных предприятиях. Патентование штаммов и их депонирование в уполномоченных коллекциях.

4. Методы и условия хранения биообъектов. Криосохранение биологического материала. Криопротекторы. Принципы размораживания клеточных культур. Банки биологических образцов и генетического материала.

## **2.2 Общая характеристика биотехнологических процессов**

1. Общая характеристика биотехнологических процессов. Общая схема биотехнологического производства. Стадии биотехнологического процесса (предферментационная, ферментационная, постферментационная).

2. Культивирование биообъектов и аппаратура для реализации биотехнологических процессов. Способы культивирования биообъектов. Использование иммобилизованных биообъектов. Особенности культивирования растительных и животных клеток.

3. Получение целевых продуктов биотехнологического производства (биомасса клеток, белки одноклеточных организмов; клеточные компоненты (нуклеиновые кислоты, ферменты); первичные продукты метаболизма (аминокислоты, полисахариды); вторичные метаболиты (стероиды, алкалоиды, антибиотики)). Методы выделения и очистки биотехнологических продуктов.

4. Получении готовых препаративных форм. Методы контроля и критерии оценки эффективности биотехнологических процессов.

5. Понятие регламента. Особенности лабораторного и промышленного регламента. Система GMP производства и контроля качества лекарственных средств.

## **2.3 Биотехнология ферментных и фармацевтических препаратов**

1. Основные продуценты ферментов. Основные технологические этапы производства ферментных препаратов. Получение очищенных препаратов ферментов.

2. Преимущества иммобилизованных ферментов. Носители и методы иммобилизации ферментов. Применение иммобилизованных ферментов и белков (иммуноферментный анализ, биосенсоры, каталитические антитела (абзимы)).

3. Биотехнологическое получение витаминов (витамина С, Витамин В<sub>2</sub>, витамина В<sub>12</sub>, пантотеновой кислоты, витамина РР ).

4. Биотехнологическое получение рекомбинантных белков (инсулина, интерферонов, соматотропина, эритропоэтина и др.)

5. Биотехнологическое получение иммунобиологических препаратов (вакцин, сывороток, препаратов для фаготерапии, моноклональных антител, диагностикумов).

6. Биотехнологическое получение препаратов для коррекции нормофлоры кишечника.

## **2.4 Основы биотехнологии растений и животных**

1. Каллусогенез как основа создания клеточных культур. Суспензионные культуры и условия их культивирования.

2. Биотехнологии на основе изолированных протопластов и изолированных органов растений.

3. Клеточные технологии в создании генетического разнообразия и ценных для селекции исходных форм.

4. Получение новых продуктов на основе трансгенных растений. Потенциальные проблемы использования трансгенных растений и пути их решения.

5. Геномное редактирование растений. Система CRISPR–Cas для получения целевых мутаций в различных растительных организмах.

6. Молекулярно-генетические маркеры, методы создания генетических маркеров и особенности применения генетических маркеров. Примеры применения методов маркерной и геномной селекции растений.

7. Межвидовые пересадки эмбрионов и получение химерных животных.

Генетическое клонирование животных.

8. Геномное редактирование у животных
9. Гибридомы. Получение и применение моноклональных антител.
10. Применение культур клеток млекопитающих в иммунобиотехнологии.
11. Применение стволовых клеток в отдельных областях медицины.

### **Раздел 3. Биоинформатика**

#### **3.1 Базы данных**

1. База данных (БД) - функции и классификация. Реляционные, иерархические и сетевые базы данных. Первичные и вторичные базы данных.
2. Основные биоинформационные БД. Базы данных последовательностей нуклеиновых кислот (EMBL, DDBJ, GenBank) и белков (PIR, UniProt GSDB). Базы данных структур (PDB, SCOP, CATH, BMRB). Библиографические базы данных.

#### **3.2 Выравнивание последовательностей**

1. Цели и виды выравнивания. Общие принципы выравнивания. Критерии меры сходства. Понятие расстояния в информатике. Функция и счет выравнивания. Матрицы процентов точечных мутаций (BLOSUM, PAM).
2. Методы попарного выравнивания последовательностей. Точечная матрица. Динамическое программирование. Алгоритмы Нидлмена-Вунша и Смита-Уотермена. Программы семейства BLAST.
3. Множественное выравнивание последовательностей. Методы множественного выравнивания: прогрессивное и локальные множественные выравнивания; итерационные методы; вероятностно-статистические методы. ПО для множественного выравнивания

#### **3.3 Гомология, филогения и эволюционные деревья**

1. Гомология и подобие. Ортологи, Паралоги и Ксенологи. Филогения и родство. Молекулярные подходы к определению филогении. Типы макромолекул, используемых для филогенетического анализа.
2. Филогенетические деревья, их характерные свойства и топология. Монофилия, парафилия и полифелия. Основные подходы к филогенетическому анализу: фенетический, кладистический и эволюционный. Проблема скорости эволюции.

3. Методы построения деревьев. Кластерные методы. Групповой метод невзвешенных пар с вычислением среднего арифметического. Алгоритм объединения соседей. Переборные методы. Метод максимальной парсимонии. Метод наибольшего правдоподобия. Оценка достоверности результатов филогенетического анализа. ПО, реализующее разные методы анализа молекулярной филогении.

## **6. Образец фонда оценочных средств**

1. Наиболее предпочтительным из представленных методов совершенствования биообъекта в современной биотехнологии является:

- а) индуцированный мутагенез;
- б) клеточная инженерия;
- в) интродукция растений;
- г) селекция.

2. Гибридомы – это:

- а) генетически однородное потомство одной клетки;
- б) клеточные линии, полученные от слияния нормальных лимфоцитов и миеломных клеток;
- в) клоновая культура, наследственная однородность которой поддерживается отбором по специфическим признакам;
- г) клетки, лишенные клеточной оболочки.

3. Штамм – это:

- а) генетически однородное потомство одной клетки;
- б) клеточные линии, полученные от слияния нормальных лимфоцитов и миеломных клеток;
- в) клоновая культура, наследственная однородность которой поддерживается отбором по специфическим признакам;
- г) клетки, лишенные клеточной оболочки.

4. Основной целью иммобилизации ферментов в биотехнологическом производстве является:

- а) повышение удельной активности;
- б) повышение стабильности;

в) расширение субстратного спектра;

г) многократное использование.

5. RCSB PDB является базой данных:

а) последовательностей белков;

б) семейств белков;

в) содержащей аннотированные последовательности ДНК и РНК, поддерживаемая Национальным центром биотехнологической информации США;

г) 3D структур белков, в котором информация получена методами рентгеновской кристаллографии или ЯМР-спектроскопии.

6. PSI-BLAST- это программа, которая:

а) версия BLAST, предназначенная для работы с белками;

б) осуществляет филогенетический анализ с использованием метода прогрессивного выравнивания;

в) способна осуществлять поиск последовательностей с низкой степенью гомологии последовательности запроса

г) проводит множественное выравнивание последовательностей

7. Точечная матрица – это:

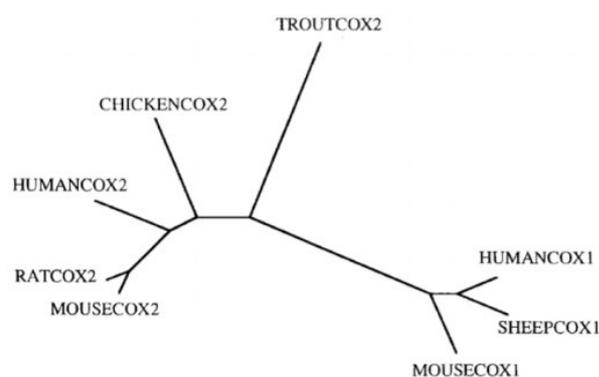
а) комплементарная, записанная в обратном порядке последовательность;

б) палиндромная последовательности;

в) матрицы расчета весов для замен в аминокислотных последовательностях;

г) изображение, которое дает наглядное представление о сходстве между двумя последовательностями

8. На рисунке представлено филогенетическое дерево COX-генов. Каким методом, вероятнее всего, оно было построено?



а) Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA)

б) Neighbor joining (NJ)

в) Maximum Likelihood

г) Bootstrap

9. В ходе сплайсинга мРНК эукариот происходит:

а) полиаденилирование

б) убиквитинирование

в) сумоилирование

г) метилирование азотистых оснований

10. Участки ДНК, разделяющие гены:

а) интроны

б) спейсеры

в) экзоны

г) транспозоны

#### 7. Ключ к образцу фонда оценочных средств

Номер вопроса	Вариант ответа
1	Б
2	Б
3	А
4	Г
5	Г
6	В
7	Г
8	Б
9	А
10	Б

#### 8. Рекомендуемая литература

1. Введение в биотехнологию [Электронный ресурс]: учеб. для вузов по напр. «Биология» и смежным напр./ А. И. Нетрусов. - ЭВК. -М.: Академия, 2014. - Режим доступа: ЭЧЗ «Библиотех». - 20 доступов. -ISBN 978-5-4468-0345-3

2. Егорова, Т.А. Основы биотехнологии. учеб. пособие для студ. вузов / Т. А. Егорова, С. М. Клунова, Е. А. Живухина. - 3-е изд., стер. - М.: Академия, 2006. - 208 с. ISBN 5-7695-2808-7

3. Леск А. Введение в биоинформатику : пер. с англ. / А. М. Леск ; ред.: А. А. Миронов, В. К. Швьадаса. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2009. - 318 с. - ISBN 978-5-94774-501-6

4. Наглядная биотехнология и генетическая инженерия [Текст] : научное издание / Р. Шмид ; пер. с нем.: А. А. Виноградовой, А. А. Синюшина. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2014. - 324 с. - ISBN 978-5-94774-767-6.

5. Нанобиотехнологии [Текст] : практикум / ред. А. Б. Рубин. - М. : Бином. Лаборатория знаний, 2012. - 384 с. - ISBN 978-5-9963-0627-5

6. Общая биология. уч. пособие для вузов / В.П. Саловарова, И.Б. Книжин, О.В. Музалевская, О.А. Берсенева; ред. В.П. Саловарова. Иркутский гос. ун-т, Биол.-почв. фак. - Иркутск: изд-во ИГУ, 2014. - 603с. ISBN 978-5-9624-1167-5 (52 экз).

7. Стефанов В.Е. Биоинформатика [Электронный ресурс] : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. - Электрон. текстовые дан. - Москва : Юрайт, 2022. - 252 с. - ЭБС "Юрайт". - Неогранич. доступ. - ISBN 978-5-534-00860-9

8. Уилсон, К. Принципы и методы биохимии и молекулярной биологии [Электронный ресурс] / К. Уилсон, Дж Уолкер. - 2-е изд. - М : Бином. Лаборатория знаний, 2015. - 855 с. - (Методы в биологии). - Режим доступа: ЭБС "Издательство "Лань". - Неогранич. доступ. - ISBN 978-5-9963-2877-2.

9. Ченцов Ю.С. Введение в клеточную биологию [Текст] / Ю. С. Ченцов. - 4-е изд., перераб. и доп., стер. изд. - М. : Альянс, 2015. - 494 с. - ISBN 978-5-91872-080-6 (30 экз.).

## 9. Программное обеспечение и Интернет-ресурсы

1. <http://www.fptl.ru/biblioteka/biotehnologiya.html>- библиотека химико-фармацевтической академии, раздел Биотехнология

2. <http://www.rostechnologii.ru/> - Государственная корпорация «Ростехнологии»

3. <http://cbio.ru>- Интернет-журнал «Коммерческая биотехнология»

4. <http://molbiol.ru/protocol/> - описание большого количества физико-химических и молекулярно-генетических методов

5. <http://bioinformatics.ru/> - сайт сборник образовательных статей по биоинформатике

6. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> - международная база данных научных статей и монографий, посвященная различным вопросам биологии.

7. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> - сайт международной базы данных NCBI (National Center Biotech Information)

8. <https://www.uniprot.org/> - международная база данных протеомной информации «UNIPROT»

9. <https://narrative.kbase.us/> - онлайн сервер для запуска различных программных средств для биоинформационного анализа данных (в том числе «SPADES»).

#### **10. Разработчики программы вступительного испытания**

Приставка А.А., доцент кафедры физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

Юринова Г.В., доцент кафедры физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

*Данная программа соответствует методическим рекомендациям «О порядке разработки и требованиях к структуре, содержанию и оформлению программ вступительных испытаний», утвержденным ректором 22 января 2024 г.*