



**МИНОБРНАУКИ РОССИИ**  
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования  
**«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»**  
**(ФГБОУ ВО «ИГУ»)**



Утверждаю  
Проректор по учебной работе  
А.И. Вокин

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

**Научная специальность: 1.5.8. Математическая биология,  
биоинформатика**

**Иркутск 2026**

# 1. СОДЕРЖАНИЕ ПРОГРАММЫ

## Тема 1. Основы молекулярной биологии и генетики

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. Структура ДНК в прокариотах и в эукариотах. Хроматин, основные уровни организации, гистоны, модификации хроматина. Роль хроматина в регуляции экспрессии генов. 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. Регуляция трансляции. Регуляция инициации трансляции в прокариотах и в эукариотах. МикроРНК и механизм регуляции с помощью микроРНК. Стабильность РНК. РНКинтерференция. Полиморфизмы. Признаки стабилизирующего и движущего отбора. Дрейф генов. Видообразование. Медицинская генетика. Моногенные и полигенные заболевания, анализ семей, ассоциации и молекулярные причины заболеваний. Понятие об основных экспериментальных методах молекулярной биологии. ПЦР, секвенирование, секвенирование нового поколения, микрочипы, белок-белковые взаимодействия, иммунопреципитация хроматина, ChIP-chip, ChIP-seq, массспектрометрия. Точность данных массовых экспериментов.

## Тема 2. Математика и информатика

Случайные величины, распределения, математическое ожидание и дисперсия, основные распределения. Основы методов анализа данных. Выборка, нулевая гипотеза. Критерии  $\chi$ -квадрат, Фишера, Стьюдента, Колмогорова. Коэффициент корреляции и регрессия. Непараметрические критерии. Множественное тестирование. Дисперсионный анализ. Байесовский подход. Регрессионный анализ. Дискриминантный анализ. Методы кластеризации. Факторный анализ. Понятия Data mining и Text mining. Теоретическая информатика. Основные структуры данных: списки, стек, очередь, бинарное дерево поиска. Понятие алгоритма. Вычислительная сложность алгоритмов. Методы сравнения алгоритмов. Алгоритмы на графах, Эйлеров цикл, поиск оптимального пути. Алгоритмы для строк. Конечные автоматы, суффиксное дерево и суффиксный массив, регулярные выражения. Понятие об NP-полных задачах. Примеры NP-полных задач. Стохастические алгоритмы. Реляционные базы данных, язык SQL. Интернет-технологии в биоинформатике. Языки программирования в биоинформатике. Сравнительный анализ средств программирования.

## Тема 3. Основы биоинформатики

Типы и качество данных. Биологические базы данных. Первичные (архивные), курируемые и производные базы данных. Выравнивание. Методы выравнивания: парное и множественное, локальное и глобальное. Алгоритм глобального выравнивания Нидльмана-Вунша (Needleman-Wunsh). Алгоритм локального выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman). Биологический смысл выравнивания. Понятие о «золотом стандарте». Алгоритмы динамического программирования. Статистическая значимость выравнивания. Линейное и логарифмическое поведение веса выравнивания. Методы быстрого поиска сходства BLAST, FASTA. Скрытые Марковские модели. Определение параметров моделей. Скрытые Марковские модели для выравнивания. Алгоритм Витерби. Субоптимальные выравнивания. Множественное выравнивание последовательностей. Динамическое программирование для множественного выравнивания. Прогрессивное выравнивание. Улучшение выравнивания. Реконструкция эволюции по последовательностям. Укоренённые и неукоренённые филогенетические деревья.

Основные методы реконструкции филогении. Геномика, транскриптомика, протеомика, системная биология. Геномы, размер геномов бактерий и эукариот. Метагеномы. Контиги. Расшифровка геномов и сборка контигов. Структура геномов прокариот. Особенности бактериальных геномов. Особенности геномов эукариот. Геном человека и млекопитающих. Полиморфизмы человека. Аннотация геномов. Предсказание генов. Функциональная аннотация. Использование сходства. Сравнительный анализ геномов. Доменные перестройки. Семейства доменов. Методы идентификации доменов в последовательности. Гомологи, ортологи и паралоги. Методы определения ортологичности. Метаболическая реконструкция. Совместная представленность генов в геномах, колокализация, корегуляция, коэкспрессия. Базы данных метаболических путей. Транскриптом. Методы определения транскриптомов. Методы анализа транскриптомов. Тканевая специфичность транскриптомов. Состав транскриптома, анализ сплайсинга. Приложения к исследованию заболеваний и диагностике. Протеом. Методы определения протеома. Посттрансляционные модификации белков. Определение посттрансляционных модификаций. Участие модификаций белков в регуляторных каскадах. Эпигеномика. Методы определения эпигенома. Роль эпигенома в регуляции экспрессии генов. Типы регуляторных взаимодействий. Регуляторные каскады. Системная биология. Построение и анализ регуляторных сетей. Роль системной биологии в поиске мишеней для лекарственных средств.

#### **Тема 4. Пространственная организация биомакромолекул**

Нуклеиновые кислоты. Биологическая роль. Роль ДНК в биосинтезе белка. Химическое строение и пространственная структура нуклеиновых кислот. Разнообразие формы структур ДНК и РНК. Вода и нуклеиновые кислоты. Взаимодействие нуклеиновых кислот с белками. Белки. Физико-химические свойства и системы классификации. Иерархия уровней пространственной организации белков. Регулярные структуры полипептидной цепи:  $\alpha$ -спираль,  $\beta$ -тяжи и  $\beta$ -листы, их распространение и роль в структурах белков. Пространственная структура белков. Отличия в структурной организации глобулярных и фибриллярных белков. Распознавание функциональных сайтов и мотивов в белках. Биологическая роль белков. Ферменты: классификация; соответствие структуры и функции. Регуляторные белки. Мембранные белки, особенности их строения и функции. Основные методы расшифровки пространственных структур биомакромолекул. Особенности моделей, получаемых этими методами. Методы оценки качества пространственной модели белка. Основы анализа пространственной структуры макромолекул. Поверхность макромолекулы, алгоритмы её вычисления. Гидрофобное ядро молекулы белка, алгоритмы его нахождения. Структурные домены белков, алгоритмы их нахождения. Пространственное выравнивание структур белков. Структурные классификации доменов. Физические взаимодействия, определяющие пространственную структуру биомолекул. Конформации и конформационная подвижность биомакромолекул. Понятие эмпирического силового поля. Параметризация валентных и невалентных взаимодействий в биополимерах. Роль растворителя в структурной организации биополимеров. Гидрофобные взаимодействия в биомолекулярных системах. Шкалы гидрофобности. Методы учета влияния растворителя в расчетах энергии биомолекулярных систем. Самоорганизация пространственной структуры биополимеров. Парадокс Левинталя. Динамика конформаций. Проблема сворачивания (фолдинга) биополимеров. Ферментативный катализ химических реакций. Понятие молекулярного докинга. Докинг в разработке лекарственных средств. Молекулярная динамика биомакромолекул. Подготовка системы к моделированию молекулярной динамики. Типы силовых полей. Моделирование динамики при постоянной энергии и постоянной температуре. Равновесная и направленная (управляемая) молекулярная динамика. Возможности и ограничения моделирования молекулярной динамики.

## 2. РЕКОМЕНДУЕМЫЕ ЛИТЕРАТУРА И ИСТОЧНИКИ

### Основная 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>

### Дополнительная литература

1. 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>
2. 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>
3. Математика и загадочный генетический код: монография / В.М. Гупал. — 2-е изд. — М.: РИОР: ИНФРА-М, 2017. — 288 с. <https://doi.org/10.12737/6032>. -Режим доступа: <http://znanium.com/catalog/product/883158>
4. 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.
5. Хаубольд Б. (Бернхард), Вие Т, Чудов С.В. Введение в вычислительную биологию: эволюционный подход. Ижевский институт компьютерных исследований Регулярная и хаотичная динамика, Москва- Ижевск 2011. 455 с.
6. Каменская М.А., Каменский А.А. Информационная биология: учебное пособие для студентов высш. учеб.заведений. Москва Академия, 2006. 368 с.
7. 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](http://e.lanbook.com/books/element.php?pl1_cid=25&pl1_id=3898)
8. Игнасимуту С., Основы биоинформатики. - М.-Ижевск: НИЦ "Регуляторная и хаотическая динамика", Институт компьютерных исследований, 2007. - 320 с.
9. Сегубал Ж., Мейданис Ж., Введение в вычислительную молекулярную биологию. - М.-Ижевск: НИЦ "Регуляторная и хаотическая динамика", Институт компьютерных исследований, 2007. - 420 с
10. Гланц С., Медико-биологическая статистика. Пер. с англ. - М. Практика, 1998. - 459с.
11. Синергетика. Принципы и основы. Перспективы и приложения: Ч. 1. Принципы и основы. Неравновесные фазовые переходы и самоорганизация в физике, химии и биологии / Г. Хакен; пер. с англ. В. И. Емельянова и В. О. Малышенко под ред. и с предисл. Ю. Л. Климонтовича и С. М. Осовца. - М.: URSS: ЛЕНАНД, 2015.
12. Математическое моделирование биологических процессов. Модели в биофизике и экологии: учеб. пособие для бакалавриата и магистратуры. / Г. Ю. Ризниченко. - М.: Юрайт, 2017.
13. Биоинформатика: учеб. для акад. бакалавриата. / В. В. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. - М.: Юрайт, 2017

14. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ: учеб.пособие для сту дентов. / В.В.Лукашов. - М.: БИНОМ. Лаб. знаний, 2009.
15. Задачи и решения по анализу биологических последовательностей / Марк Бородавский, Светлана Екишева; пер. с англ. А. А. Чумичкина под ред. А. А. Миронова. - Ижевск: Ин-т компьютер. исслед.: R & C Dynamics, 2008.
16. Молекулярное моделирование: теория и практика. / Х.-Д. Хельтье [и др.]; пер. с англ. А. А. Олиференко [и др.] под ред. В. А. Палулина и Е. В. Радченк о. - М.: БИНОМ. Лаб. знаний, 2013

#### в) периодические издания

«Вестник биотехнологии и физико-химической биологии имени Ю.А. Овчинникова», «Математическая биология и биоинформатика»; «Биометрика»

#### г) Информационное обеспечение.

1. Entrez cross-database search page - [www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)
2. Биоинформационные ресурсы для геномики и протеомики - [www.expasy.org](http://www.expasy.org)
3. Биологические банки и базы данных - [www.nsu.ru/education/i4biol/noframes/reviewdb.html](http://www.nsu.ru/education/i4biol/noframes/reviewdb.html)
4. Программы анализа полинуклеотидных и полипептидных последовательностей - <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>
5. Программы множественного выравнивания - [www.genome.jp/tools/clustalw/](http://www.genome.jp/tools/clustalw/)
6. Форум по молекулярной биологии - <http://molecularstation.com/>
7. Сайт сборник образовательных статей по биоинформатике- <http://bioinformatics.ru/>
8. Образовательные лекции по биоинформатике: от статистики до генетических конструкций- <https://habr.com/ru/post/403901/>
9. Международная база данных научных статей и монографий, посвященная различным вопросам биологии -<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>
10. Международная база данных, индексирующая научные публикации в высокорейтинговых изданиях <https://apps.webofknowledge.com>

### 3. ФОРМА ПРОВЕДЕНИЯ ВСТУПИТЕЛЬНОГО ИСПЫТАНИЯ

Вступительные испытания проводятся в письменной и устной форме по билетам. Для подготовки ответа поступающие используют экзаменационные листы, которые сохраняются после приема экзамена в течение года. На подготовку к ответу даётся 90 минут.

Каждый билет содержит 10 вопросов, из которых 1-9-ые вопросы соответствуют программе вступительных испытаний по специальной дисциплине, а 10-ый вопрос – о планируемом диссертационном исследовании поступающего.

#### Критерии оценки вопросов в билете:

- Вопросы с 1-го по 6-ой предполагают краткий ответ по существу (поступающий должен продемонстрировать знание терминологии, основных концепций и т.п. всех разделов научной специальности).

Критерий	№ вопроса	Баллы
Дан правильный и полный ответ, раскрывающий суть вопроса.	1-6	5
Дан неправильный ответ, или ответ неполный (не раскрывающий суть вопроса), или ответ не дан вовсе.	1-6	0

- Вопросы с 7-го по 9-ый предполагают развернутый ответ. Вопросы характеризуются разной степенью сложности.

Критерий	№ вопроса	Баллы
<p>Дан правильный и полный ответ, раскрывающий суть вопроса</p> <p>Продемонстрировано:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание фактического материала, отсутствуют фактические ошибки;</li> <li>- уверенное владение понятийно-терминологическим аппаратом дисциплины (уместность употребления, аббревиатуры, толкование и т.д.), отсутствуют ошибки в употреблении терминов; показано умелое использование категорий и терминов дисциплины в их ассоциативной взаимосвязи;</li> <li>- умение аргументировано излагать собственную точку зрения, изложение сопровождается адекватными иллюстрациями (примерами) из практики.</li> </ul> <p>Ответ четко структурирован, части ответа логически взаимосвязаны.</p>	7-8	15
	9	30
<p>Содержание ответа в целом соответствует теме вопроса.</p> <p>Продемонстрировано:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- знание фактического материала, встречаются несущественные фактические ошибки;</li> <li>- владение понятийно-терминологическим аппаратом дисциплины (уместность употребления, аббревиатуры, толкование и т.д.), отсутствуют ошибки в употреблении терминов;</li> <li>- умение аргументированно излагать собственную точку зрения, изложение отчасти сопровождается адекватными иллюстрациями (примерами) из практики.</li> </ul> <p>Ответ в достаточной степени структурирован и выстроен в заданной логике без нарушений общего смысла. Части ответа логически взаимосвязаны.</p>	7-8	10
	9	20
<p>Содержание ответа в целом соответствует теме задания.</p> <p>Продемонстрировано:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- удовлетворительное знание фактического материала, есть незначительные фактические ошибки (до 30 % от общего содержания ответа);</li> <li>- достаточное владение понятийно-терминологическим аппаратом дисциплины, есть ошибки в употреблении и трактовке терминов, расшифровке аббревиатур, ошибки в использовании категорий и терминов дисциплины в их ассоциативной взаимосвязи;</li> <li>- нет собственной точки зрения либо она слабо аргументирована.</li> </ul> <p>Примеры, приведенные в ответе в качестве практических иллюстраций, в малой степени соответствуют изложенным теоретическим аспектам.</p> <p>Ответ плохо структурирован, нарушена заданная логика. Части ответа разорваны логически, нет связок между ними.</p>	7-8	5
	9	10
<p>Дан неправильный ответ, или ответ неполный (не раскрывающий суть вопроса), или ответ не дан вовсе.</p> <p>Продемонстрировано:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- незнание основных научных понятий и теоретических основ дисциплины, допускаются серьезные ошибки в содержании ответа;</li> <li>- неумение давать аргументированные ответы, приводить примеры из практики.</li> </ul> <p>Отсутствие логичности и последовательности в изложении ответа.</p>	7-9	0

- 10-ый вопрос – о планируемом диссертационном исследовании поступающего (в письменном виде в экзаменационные листы вносится только тема, остальные составляющие критериев по данному вопросу оцениваются в ходе устного собеседования поступающего с комиссией).

Критерий	№ вопроса	Баллы
----------	-----------	-------

Сформулирована предполагаемая тематика планируемого диссертационного исследования. В рамках выбранной темы продемонстрировано: - знание проработки / изученности выбранной темы; - актуальность, предполагаемая новизна и/или практическая значимость исследования; - научная эрудиция при ответах на вопросы.	10	10
Сформулирована предполагаемая тематика планируемого диссертационного исследования. В рамках выбранной темы продемонстрировано недостаточно полное: - знание проработки / изученности выбранной темы; - понимание актуальности, предполагаемой новизны и/или практической значимости исследования.	10	5
Предполагаемая тематика планируемого диссертационного исследования не сформулирована или при наличии сформулированной темы продемонстрировано: - незнание изученности выбранной темы; - неумение сформулировать актуальность, предполагаемую новизну и/или практическую значимость исследования.	10	0

Минимальное количество баллов, подтверждающее успешное прохождение вступительного испытания – 60 баллов, максимально возможное количество – 100 баллов.

#### 4. ПЕРЕЧЕНЬ ВОПРОСОВ

##### I. Вопросы с кратким ответом, позволяющие проверить базовую и системную подготовку абитуриента по ключевым разделам направления:

1. Назовите основные типы математических моделей в биологии.
2. Что такое BLAST и для каких основных задач он используется?
3. Что такое "генные сети" и каковы основные подходы к их моделированию?
4. В чем ключевое различие между геномом и транскриптомом?
5. Назовите допущения базовой модели "хищник-жертва" Лотки-Вольтерры.
6. Что такое дифференциальная экспрессия генов и каков основной статистический подход для ее определения по данным RNA-seq?
7. В чем суть революции, связанной с нейросетью AlphaFold?
8. Для чего в биологии используется теория фазовых плоскостей и анализ устойчивости стационарных точек?
9. Что характеризует ключевой параметр  $R_0$  (базовое репродуктивное число) в моделях инфекций?
10. Зачем в биоинформатике используют скриптовые языки (Python/R) и языки "низкого уровня" (C++)?
11. Что означает проблема "p-hacking" (p-хакерства) в контексте анализа омиксных данных?
12. Что такое база данных NCBI GenBank?
13. В чем основная этическая проблема при работе с персональными геномными данными?
14. Кто такой Алан Тьюринг и каков его вклад в математическую биологию?
15. Что такое математическая биология?  
Ответ: Научная дисциплина, использующая математические модели, теоретические методы и вычислительные подходы для изучения и описания биологических систем, процессов и закономерностей.
16. Назовите основные типы математических моделей в популяционной динамике.

17. Что описывает уравнение Михаэлиса-Ментен?
18. Какова основная задача биоинформатики?
19. Что такое BLAST и для чего он используется?
20. Что такое "выравнивание последовательностей" (sequence alignment) и какие его основные типы?
21. Что такое филогенетическое дерево и каковы основные методы его построения?
22. Что такое Р-значение (p-value) в контексте биоинформатического анализа?
23. Что такое транскриптомика и какие основные технологии ее лежат в основе?
24. Что такое система обыкновенных дифференциальных уравнений (ОДУ) и где она применяется в матбиологии?
25. Дайте определение стационарной точке (точке равновесия) в динамической системе.
26. Что такое устойчивость по Ляпунову стационарной точки?
27. Что такое геномная сборка (genome assembly) и в чем основная сложность этого процесса?
28. Что такое онтология генов (Gene Ontology, GO) и для чего она используется?
29. В чем разница между машинами опорных векторов (SVM) и искусственными нейронными сетями (ИНС) как методами машинного обучения в биоинформатике?

## **II. Вопросы с развернутым ответом:**

1. Каковы фундаментальные различия между задачами математической биологии и биоинформатики, и как эти области взаимодействуют друг друга в современных исследованиях?
2. Опишите принцип работы и сферу применения метода Монте-Карло в контексте молекулярного моделирования.
3. Что такое BLAST-алгоритм, на каких математических принципах он основан и каковы его ключевые ограничения?
4. Как формализуется и решается классическая задача Лотки-Вольтерры "хищник-жертва"? Проинтерпретируйте фазовый портрет системы.
5. Объясните биологический смысл и математическое представление филогенетического дерева. Какие основные алгоритмы используются для его построения?
6. Что такое клеточные автоматы и как они применяются для моделирования морфогенеза и пространственной динамики популяций?
7. Дайте определение "силовому полю" в контексте молекулярного моделирования. Из каких основных компонентов оно состоит?
8. В чем состоит проблема множественного выравнивания последовательностей и каковы ключевые алгоритмические подходы к её решению?
9. Сформулируйте принцип максимума Понтрягина и поясните его возможное применение в математической биологии.
10. Что такое анализ главных компонент (PCA) и как он используется для анализа данных omics-технологий (например, транскриптомных)?
11. Каковы основные принципы и задачи структурной биоинформатики? Что такое предсказание вторичной и третичной структуры белка?
12. Объясните базовые принципы построения и анализа филогенетических деревьев. Какие методы (дистанционные, максимального правдоподобия, байесовские) вы знаете и в чем их ключевые отличия?
13. Что такое NGS (Next Generation Sequencing) и какова типовая схема биоинформатического анализа данных РНК-секвенирования (RNA-Seq)?
14. Опишите классическую модель Лотки-Вольтерры для взаимодействия "хищник-жертва". Каковы ее основные предположения, уравнения и предсказания?

15. Что такое p-значение и FDR (False Discovery Rate) в контексте анализа дифференциальной экспрессии генов? Почему контроль FDR часто предпочтительнее?
16. Каковы основные принципы и этапы молекулярного докинга? Как оценивается качество результатов докинга?
17. Дайте определение модели SIR для распространения инфекционного заболевания. Какие параметры определяют порог эпидемии (базовое репродуктивное число  $R_0$ )?
18. Что такое BLAST и какие основные типы этого алгоритма вы знаете? Опишите его ключевые этапы и статистику оценки значимости (E-value).
19. Опишите процесс сборки генома de novo из данных NGS. Какие основные проблемы (повторы, ошибки секвенирования) возникают и как они решаются?
20. Что такое клеточные автоматы и как они применяются в математической биологии? Приведите пример моделирования.

### **III. Сложные вопросы, позволяющие определить способность абитуриента к синтезу, критическому мышлению, пониманию методологии процесса**

1. Какая область в рамках специальности 1.5.8 вас интересует больше всего (пример: эволюционная биоинформатика, моделирование внутриклеточных процессов, фармакокинетика и др.) и почему?
2. Опишите основные этапы и математический аппарат модели Ходжкина-Хаксли. Каким образом данная модель демонстрирует принцип электрического эквивалента биологической мембраны?
3. В чём заключается принципиальное различие между методами выравнивания глобального (Needleman-Wunsch) и локального (Smith-Waterman) последовательностей? Приведите пример биологической задачи, где предпочтительно использовать каждый из подходов.
4. Дайте определение катастрофе сборки в модели полимеризации актина. Какие ключевые параметры модели определяют пороговое значение концентрации мономеров для начала полимеризации?
5. Что такое филогенетическое дерево, восстановленное методом максимального правдоподобия? В чём основное концептуальное и вычислительное отличие этого метода от метода максимальной парсимонии?
6. Опишите базовые принципы и приведите пример использования метода Монте-Карло в контексте моделирования пространственной структуры биополимеров (на примере белка или РНК).
7. Каков биологический смысл и математическое выражение числа Рейнольдса для микроорганизма, движущегося в жидкости? Как его величина влияет на применяемый математический аппарат для описания движения?
8. Дайте определение реакции-диффузионной системе Тьюринга. Какие необходимые условия (по параметрам модели) должны выполняться для возникновения диссипативных структур, предсказываемых теорией?
9. Что такое BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)? Опишите ключевые этапы его алгоритма (слово, список попаданий, расширение). В чём заключается эвристичность этого подхода?
10. Какие основные типы данных используются для предсказания пространственной структуры белка методами машинного обучения (на примере AlphaFold2)? Какова роль множественного выравнивания последовательностей (MSA) и шаблонов (templates) в этой архитектуре?
11. Сформулируйте задачу об оптимальном управлении для модели роста опухоли с учётом химиотерапии. Какие типичные функционалы цели и ограничения рассматриваются в таких постановках?

**Разработчики:**

профессор В.П. Саловарова

доцент Ю.С. Букин