

**ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«БАШКИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ**

УТВЕРЖДАЮ  
Проректор по учебной работе  
Валиевиниц А.



2023 г.

**ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ**

**БИОИНФОРМАТИКА**

Разработчик	кафедра фундаментальной и прикладной микробиологии
Специальность	30.05.02 Медицинская биофизика
Наименование ООП	30.05.02 Медицинская биофизика
Квалификация	<u>Врач-биофизик</u>
ФГОС ВО	Утвержден Приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации от «13» августа 2020 г. №1002

## Цель и задачи ФОМ (ФОС)

**Цель ФОМ (ФОС)** – установить уровень сформированности компетенций у обучающихся, изучивших дисциплину «Биоинформатика».

**Основной задачей ФОМ (ФОС)** дисциплины «Биоинформатика» является проверка знаний, умений и владений обучающегося согласно матрице компетенций рассматриваемого по направлению подготовки.

### Паспорт оценочных материалов по дисциплине «Биоинформатика».

№	Наименование пункта	Значение
1.	Специальность/Направление подготовки	30.05.02 Медицинская биофизика
2.	Кафедра	Фундаментальной и прикладной микробиологии
3.	Автор-разработчик	Баймиев Алексей Ханифович
4.	Наименование дисциплины	Биоинформатика
5.	Общая трудоемкость по учебному плану	324 ч (9 ЗЕ)
6.	Наименование папки	Фонд оценочных средств по дисциплине «Биоинформатика»
7.	Количество заданий всего по дисциплине	263
8.	Количество заданий	25
9.	Из них правильных ответов должно быть (%):	
10.	Для оценки «отл» не менее	91%
11.	Для оценки «хор» не менее	81%
12.	Для оценки «удовл» не менее	71%
13.	Время (в минутах)	50 минут
14.	Вопросы к аттестации	49
15.	Задачи	14

В результате изучения дисциплины у обучающегося формируются следующие компетенции:

ОПК-1

ОПК-6

Наименование компетенции	Индикатор достижения компетенции
<p>ОПК-1. Способен использовать и применять фундаментальные и прикладные медицинские, естественнонаучные знания для постановки и решения стандартных и инновационных задач профессиональной деятельности</p>	<p>ОПК-1.1. Использует знания о современных актуальных проблемах, основных открытиях и методологических разработках в области биологических и смежных наук, понимает междисциплинарные связи и способен их применять при решении задач профессиональной деятельности.</p>
	<p>ОПК-1.2. Анализирует тенденции развития научных исследований и практических разработок в избранной сфере профессиональной деятельности, формулирует инновационные предложения для решения нестандартных задач, используя углубленную общенаучную и методическую специальную подготовку.</p>
	<p>ОПК-1.3. Способен планировать, организовывать и проводить научно-исследовательские работы в области биотехнологии, проводить корректную обработку результатов экспериментов и делать обоснованные заключения и выводы.</p>
<p>ОПК-6. Способен понимать принципы работы информационных технологий, обеспечивать информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения; применять средства информационно-коммуникационных технологий и ресурсы биоинформатики в профессиональной деятельности, выполнять требования информационной безопасности</p>	<p>ОПК-6.1. Применяет современные информационные технологии и специализированное программное обеспечение для решения профессиональных задач.</p>
	<p>ОПК-6.2. Осуществляет поиск информации с использованием информационно-коммуникационных технологий и ресурсов биоинформатики для решения задач профессиональной деятельности.</p>
	<p>ОПК-6.3. Обеспечивает информационно-технологическую поддержку в области здравоохранения с использованием требований информационной безопасности.</p>

## Задания

На закрытый вопрос рекомендованное время – 2 мин.

На открытое задание рекомендованное время – 4 мин.

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Тестовые вопросы	Правильные ответы
ОПК1/ОПК1. 1	1. Объекты исследования биоинформатики: а) Параметры сердечного ритма и их математическое моделирование б) Последовательности ДНК и белков в) Электрические явления головного мозга г) Компьютерные сети и ИТ инфраструктура больниц, поликлиник и аптек	б
ОПК1/ОПК1. 1	2. Что относится к задачам биоинформатики: а) Изучение и восстановление эволюционных событий, филогения, структурный и функциональный анализ и аннотация ДНК и белков б) Математическое и ИТ сопровождение работы медико-биологических учреждений в) Изучение информационных полей организма человека г) Изучение информационных полей микроорганизмов	а
ОПК1/ОПК1. 1	3. Сколько в двухцепочечной ДНК может быть открытых рамок считывания: а) 2 б) 3 в) 4 г) 6	г
ОПК1/ОПК1. 1	4. Методы биоинформатики – это: а) Маршрутизация в сетях TCP/IP б) Секвенирование в) Математическое моделирование сигналов коры головного мозга г) Парное и множественное выравнивания, докинг и скоринг	г
ОПК1/ОПК1. 1	5. Поиск открытой рамки считывания в последовательности ДНК: а) Это поиск старт-кодона и отсутствие стоп-кодона на достаточно протяжённом участке ДНК б) Это поиск старт-кодона и наличие сайта связывания фактора транскрипции в) Это поиск стоп-кодона и обратный отсчёт	а

	составляющий интрон нуклеотидов г) Это поиск промотора и отсутствие стоп-кодона на достаточно протяжённом участке ДНК	
ОПК1/ОПК1.1	6. NCBI – это: а) Национальный Центр Биоинформатических Исследований б) Новый Центр Биологической Информации в) Национальный Центр Биотехнологической Информации г) Некоммерческий Биоинформатический Институт	в
ОПК1/ОПК1.1	7. ENTREZ – это: а) Это поисковая машина GenBank б) Это приложение-аналог Vector NTI, распространяемое свободно в) Это название ежегодной конференции по биоинформатике г) Это поисковая машина NCBI	г
ОПК1/ОПК1.1	8. BLAST – это: а) Средство нахождения оптимального глобального выравнивания б) Это набор программ для поиска локального выравнивания в) Набор программ для структурного выравнивания белков г) Это база данных локальных выравниваний	б
ОПК1/ОПК1.2	9. FlyBase – это: а) База данных биоразнообразия б) База данных модельного организма в) Литературная база данных г) База данных биомолекул	б
ОПК1/ОПК1.2	10. Виды парного выравнивания: а) Частичное б) Глобальное и локальное в) Усреднённое г) Сравнительное	б
ОПК1/ОПК1.2	11. Авторы алгоритма парного локального выравнивания: а) Ф. Сенгер б) Т. Смит в) Ф. Крик г) М. Гилберт	б
ОПК1/ОПК1.2	12. Назовите цели парного глобального выравнивания последовательностей: а) Один из этапов множественного выравнивания а) Сравнение аминокислотной и нуклеотидной последовательностей б) Моделирование начального этапа клеточного цикла в) Сравнение негомологичных	а

	последовательностей примерно одной длины																										
ОПК1/ОПК1. 2	<p>13. Назовите цели парного локального выравнивания последовательностей:</p> <p>а) Поиск генов, сигналов</p> <p>б) Сравнение двух метаболических путей</p> <p>в) Расчёт молекулярного веса последовательностей</p> <p>г) Сравнение неконсервативных участков, активных сайтов</p>	a																									
ОПК1/ОПК1. 2	<p>14. Матрицы сравнения последовательностей РАМ:</p> <p>а) Числа в ячейках – вероятности точечных мутаций аминокислот</p> <p>б) Чем меньше индекс у матрицы РАМ, тем более дистантные в эволюционном плане последовательности можно с её помощью сравнивать</p> <p>в) Пакет матриц разработан в Массачусетском Технологическом Институте (MIT) в 1987 году</p> <p>г) РАМ100 и BLOSUM100 обычно дают одинаковые результаты на глобулярных белках</p>	a																									
ОПК1/ОПК1. 2	<p>15. Дана следующая матрица скоринга ДНК:</p> <table border="1" style="margin-left: auto; margin-right: auto;"> <tr> <td></td> <td>A</td> <td>C</td> <td>G</td> <td>T</td> </tr> <tr> <td>A</td> <td>10</td> <td>2</td> <td>5</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>C</td> <td>2</td> <td>10</td> <td>2</td> <td>5</td> </tr> <tr> <td>G</td> <td>5</td> <td>2</td> <td>10</td> <td>2</td> </tr> <tr> <td>T</td> <td>2</td> <td>5</td> <td>2</td> <td>10</td> </tr> </table> <p>Какова максимально возможная оценка выравнивания ААТААТ и ААGG, при условии цены промежутка -5?</p> <p>а) 22</p> <p>б) 25</p> <p>в) 27</p> <p>г) 29</p>		A	C	G	T	A	10	2	5	2	C	2	10	2	5	G	5	2	10	2	T	2	5	2	10	B
	A	C	G	T																							
A	10	2	5	2																							
C	2	10	2	5																							
G	5	2	10	2																							
T	2	5	2	10																							
ОПК1/ОПК1. 2	<p>16. Дана следующая матрица аминокислотных замен:</p> <pre> A R N D C Q E G H I L K M F P S T W Y V A 4 -1 -2 -2 0 -1 -1 0 -2 -1 -1 -1 -1 -2 -1 1 0 -3 -2 0 R -1 5 0 -2 -3 1 0 -2 0 -3 -2 2 -1 -3 -2 -1 -1 -3 -2 -3 N -2 0 6 1 -3 0 0 0 1 -3 -3 0 -2 -3 -2 1 0 -4 -2 -3 D -2 -2 1 6 -3 0 2 -1 -1 -3 -4 -1 -3 -3 -1 0 -1 -4 -3 -3 C 0 -3 -3 -3 9 -3 -4 -3 -3 -1 -1 -3 -1 -2 -3 -1 -1 -2 -2 -1 Q -1 1 0 0 -3 5 2 -2 0 -3 -2 1 0 -3 -1 0 -1 -2 -1 -2 E -1 0 0 2 -4 2 5 -2 0 -3 -3 1 -2 -3 -1 0 -1 -3 -2 -2 G 0 -2 0 -1 -3 -2 -2 6 -2 -4 -4 -2 -3 -3 -2 0 -2 -2 -3 -3 H -2 0 1 -1 -3 0 0 -2 8 -3 -3 -1 -2 -1 -2 -1 -2 -2 2 -3 I -1 -3 -3 -3 -1 -3 -3 -4 -3 4 2 -3 1 0 -3 -2 -1 -3 -1 3 L -1 -2 -3 -4 -1 -2 -3 -4 -3 2 4 -2 2 0 -3 -2 -1 -2 -1 1 K -1 2 0 -1 -3 1 1 -2 -1 -3 -2 5 -1 -3 -1 0 -1 -3 -2 -2 M -1 -1 -2 -3 -1 0 -2 -3 -2 1 2 -1 5 0 -2 -1 -1 -1 -1 1 F -2 -3 -3 -3 -2 -3 -3 -3 -1 0 0 -3 0 6 -4 -2 -2 1 3 -1 P -1 -2 -2 -1 -3 -1 -1 -2 -2 -3 -3 -1 -2 -4 7 -1 -1 -4 -3 -2 S 1 -1 1 0 -1 0 0 0 -1 -2 -2 0 -1 -2 -1 4 1 -3 -2 -2 T 0 -1 0 -1 -1 -1 -1 -2 -2 -1 -1 -1 -1 -2 -1 1 5 -2 -2 0 W -3 -3 -4 -4 -2 -2 -3 -2 -2 -3 -2 -3 -1 1 -4 -3 -2 11 2 -3 Y -2 -2 -2 -3 -2 -1 -2 -3 2 -1 -1 -2 -1 3 -3 -2 -2 2 7 -1 V 0 -3 -3 -3 -1 -2 -2 -3 -3 3 1 -2 1 -1 -2 -2 0 -3 -1 4 </pre>	B																									

	<p>Открытие промежутка – -8. Удлинение промежутка – -1.</p> <p>Какова стоимость выравнивания: AACDQRST A-CD-RST</p> <p>а) 13 б) 16 в) 17 г) 21</p>	
ОПК1/ОПК1. 3	<p>17. Редакционное расстояние между двумя последовательностями – это:</p> <p>а) минимальное количество операций вставки, удаления и замены одного символа на другой, необходимых для превращения одной строки в другую</p> <p>б) число позиций, в которых соответствующие символы двух слов одинаковой длины различны</p> <p>в) расстояние между двумя точками евклидова пространства, вычисляемое по теореме Пифагора</p> <p>г) безразмерный показатель, применяемый в биологии для количественного определения степени сходства биологических объектов</p>	а
ОПК1/ОПК1. 3	<p>18. Расстояние Хэмминга – это:</p> <p>а) расстояние между двумя точками евклидова пространства, вычисляемое по теореме Пифагора</p> <p>б) безразмерный показатель, применяемый в биологии для количественного определения степени сходства биологических объектов</p> <p>в) минимальное количество операций вставки, удаления и замены одного символа на другой, необходимых для превращения одной строки в другую</p> <p>г) число позиций, в которых соответствующие символы двух слов одинаковой длины различны</p>	г
ОПК1/ОПК1. 3	<p>19. Чему равно редакционное расстояние между двумя последовательностями АТАТАТАТАТ и ТАТАТАТАТА (выберите один правильный ответ):</p> <p>а) 2 б) 4 в) 6 г) 8</p>	а
ОПК1/ОПК1. 3	<p>20. Чему равно расстояние Хэмминга между двумя последовательностями АТАТАТАТАТ и ТАТАТАТАТА</p> <p>а) 2 б) 4 в) 6 г) 10</p>	г
ОПК1/ОПК1. 3	<p>21. Дано: последовательности WATER и WINE. Правила оценки (скоринга): match – 5, mismatch – -5, вставка промежутка (gap insertion) – -1. Постройте правильное выравнивание и определите его оценку (скоринг):</p>	г

	а) 10 б) -5 в) 0 г) -1	
ОПК1/ОПК1. 3	22. Назовите алгоритмы оптимизации скорости поиска лучшего выравнивания: а) MEGA б) FASTA в) RAUP г) SCOP2	б
ОПК1/ОПК1. 3	23. Биоинформатику можно определить как: а) информация о биологических объектах б) вычислительная молекулярная биология в) создание биологических компьютеров г) разработка искусственного интеллекта	г
ОПК1/ОПК1. 3	24. Поиск гомологичных последовательностей осуществляет программа: а) BLAST б) MegAlign в) EditSec г) Protean	г
ОПК6/ОПК6. 1	25. Множественное выравнивание последовательностей ДНК осуществляет программа: а) BLAST б) MegAlign в) EditSec г) Protean	г
ОПК6/ОПК6. 1	26. Информация, которая не зависит от личного мнения или суждения, называется: а) достоверной б) актуальной в) объективной г) полезной	в
ОПК6/ОПК6. 1	27. Информация, которая отражает истинное положение дел, называется: а) понятной б) достоверной в) объективной г) полной	г
ОПК6/ОПК6. 1	28. Информация, объем которой достаточен для решения поставленной задачи, называется: а) полезной б) актуальной в) полной г) достоверной	г
ОПК6/ОПК6. 1	29. Записную книжку используют с целью: а) передачи информации б) хранения, обработки и передачи	б



	<p>информации</p> <p>в) обработки информации</p> <p>г) хранения информации</p>	
ОПК6/ОПК6. 1	<p>30. Первым средством передачи информации на большие расстояния принято считать:</p> <p>а) радиосвязь</p> <p>б) электрический телеграф</p> <p>в) телефон</p> <p>г) компьютерные сети</p>	в
ОПК6/ОПК 6.2	<p>31. Обеспечение защиты информации не проводится конструкторами и разработчиками программного обеспечения в следующих направлениях:</p> <p>а) защита от сбоев работы оборудования</p> <p>б) защита от случайной потери информации</p> <p>в) защита от преднамеренного искажения</p> <p>г) разработка правовой базы для борьбы с преступлениями в сфере информационных технологий</p>	б
ОПК6/ОПК6. 2	<p>32. Что не относится к объектам информационной безопасности РК?</p> <p>а) природные и энергетические ресурсы</p> <p>б) информационные ресурсы всех видов</p> <p>в) информационные системы различного класса и назначения, информационные технологии</p> <p>г) система формирования общественного сознания</p>	г
ОПК6/ОПК6. 2	<p>33. Для написания самостоятельной работы вы скопировали из интернета полный текст нормативно правового акта. Нарушили ли вы при этом авторское право?</p> <p>а) да, нарушено авторское право владельца сайта</p> <p>б) нет, так как нормативноправовые акты не являются объектом авторского права</p> <p>в) нет, если есть разрешение владельца сайта</p> <p>г) да, нарушено авторское право автора документа</p>	г
ОПК6/ОПК6. 2	<p>34. Что необходимо указать при цитировании статьи, размещенной на чьем-то сайте?</p> <p>а) имя автора, название статьи, адрес сайта, с которого заимствована статья</p> <p>б) адрес сайта и имя его владельца</p> <p>в) имя автора и название статьи</p> <p>г) электронный адрес сайта, с которого заимствована статья</p>	г
ОПК6/ОПК6. 2	<p>35. Персональными стали компьютеры следующего поколения ЭВМ:</p> <p>а) первого</p> <p>б) второго</p> <p>в) третьего</p>	г

	г) четвертого	
ОПК6/ОПК6. 2	36. Устройство, выполняющее все арифметические и логические операции и управляющее другими устройствами компьютера, называется: а) контроллером б) процессором в) клавиатурой г) монитором	г
ОПК6/ОПК6. 2	37. Особенностью алгоритма FASTA для ускорения поиска лучшего выравнивания является а) Ускорение поиска достигается за счёт нахождения в последовательностях HSP (High-scoring Segment Pairs) и последующего их выравнивания по базам данных б) Ускорение поиска лучшего выравнивания достигается за счёт задействования технологии CUDA и графических процессоров в) Ускорение поиска лучшего выравнивания достигается за счёт хеширования и сжатия г) Поиск «слов», участков их совпадений. Затем – обычное динамическое программирование с исключением из поиска областей, где слова не обнаружены	г
ОПК6/ОПК6. 2	38. Динамическое программирование используется при выравнивании последовательностей: а) Это синоним спортивного программирования на время, наподобие олимпиад ACM-IBM б) Метод разбиения задачи на подзадачи, однократного их решения и затем использования накопленной «коллекции» ответов для нахождения решения исходной задачи в) Метод использования законов молекулярной динамики при работе с большими данными г) Метод, используемый в программной реализации расчета динамики жидкостей и газов	б
ОПК6/ОПК6. 2	39. Штрафы за вставку промежутка бывают: а) Равномерные б) Основанные на биологической природе выравниваемых молекул (ДНК или белок) в) Ступенчатые г) Аффинные	г
ОПК6/ОПК 6.3	40. Аффинный штраф – это ( $i$ – штраф): а) Открытие промежутка – $i$ , продление промежутка – $i/10$ б) Открытие промежутка – $i$ , продление промежутка – $i/2$ в) Открытие промежутка – $i$ , продление промежутка – $2*i$ г) Открытие промежутка – $i$ , продление	а

	промежутка – столько же	
ОПК6/ОПК6. 3	41. Линейный штраф – это ( $i$ – штраф. $n$ – количество вставляемых гэпов. а) Открытие промежутка – $i$ , продление промежутка – $i/n$ б) Открытие промежутка – $i$ , продление промежутка – $i/2n$ в) Открытие промежутка – $i$ , продление промежутка – $n \cdot i$ г) Открытие промежутка – $i$ , продление промежутка – $n$	в
ОПК6/ОПК6. 3	42. Профиль – это: а) Матрица частот встречаемости символов в столбцах MSA б) Матрица частот встречаемости символов в столбцах парного выравнивания в) Строка из наиболее часто встречаемых символов в столбцах MSA г) Строка из однобуквенного обозначения аминокислот, соответствующих входной последовательности ДНК	а
ОПК6/ОПК6. 3	43. Консенсус – это: а) Строка, объединяющая sense- и antisense последовательности ДНК в одну длинную последовательность б) Матрица попарных расстояний между последовательностями в MSA в) Строка из наиболее часто встречаемых символов в столбцах MSA г) Метрика структурной схожести двух и более молекул белков	в
ОПК6/ОПК6. 3	44. E-value выравнивания - это: а) Вероятность найти последовательность для выравнивания с таким же или лучшим весом б) Количество выравниваний случайных последовательностей из базы данных с имеющейся оценкой MSA (score, S) или более высокой в) Мера отличия оценки наблюдаемого выравнивания от средней оценки для данной выборки последовательностей г) Вероятность случайного совпадений символов в столбцах MSA	б
ОПК6/ОПК6. 3	45. P-value выравнивания - это: а) Вероятность найти последовательность для выравнивания с таким же или лучшим весом б) Количество выравниваний случайных последовательностей из базы данных с имеющейся оценкой MSA (score, S) или более высокой в) Мера отличия оценки наблюдаемого выравнивания от средней оценки для данной выборки последовательностей г) Вероятность случайного совпадений символов в столбцах MSA	а

<p>ОПК6/ОПК6. 3</p>	<p>46. Дана следующая матрица аминокислотных замен:</p> <pre> A R N D C Q E G H I L K M F P S T W Y V A 4 -1 -2 -2 0 -1 -1 0 -2 -1 -1 -1 -1 -2 -1 1 0 -3 -2 0 R -1 5 0 -2 -3 1 0 -2 0 -3 -2 2 -1 -3 -2 -1 -1 -3 -2 -3 N -2 0 6 1 -3 0 0 0 1 -3 -3 0 -2 -3 -2 1 0 -4 -2 -3 D -2 -2 1 6 -3 0 2 -1 -1 -3 -4 -1 -3 -3 -1 0 -1 -4 -3 -3 C 0 -3 -3 -3 9 -3 -4 -3 -3 -1 -1 -3 -1 -2 -3 -1 -1 -2 -2 -1 Q -1 1 0 0 -3 5 2 -2 0 -3 -2 1 0 -3 -1 0 -1 -2 -1 -2 E -1 0 0 2 -4 2 5 -2 0 -3 -3 1 -2 -3 -1 0 -1 -3 -2 -2 G 0 -2 0 -1 -3 -2 -2 6 -2 -4 -4 -2 -3 -3 -2 0 -2 -2 -3 -3 H -2 0 1 -1 -3 0 0 -2 8 -3 -3 -1 -2 -1 -2 -1 -2 -2 2 -3 I -1 -3 -3 -3 -1 -3 -3 -4 -3 4 2 -3 1 0 -3 -2 -1 -3 -1 3 L -1 -2 -3 -4 -1 -2 -3 -4 -3 2 4 -2 2 0 -3 -2 -1 -2 -1 1 K -1 2 0 -1 -3 1 1 -2 -1 -3 -2 5 -1 -3 -1 0 -1 -3 -2 -2 M -1 -1 -2 -3 -1 0 -2 -3 -2 1 2 -1 5 0 -2 -1 -1 -1 -1 1 F -2 -3 -3 -3 -2 -3 -3 -3 -1 0 0 -3 0 6 -4 -2 -2 1 3 -1 P -1 -2 -2 -1 -3 -1 -1 -2 -2 -3 -3 -1 -2 -4 7 -1 -1 -4 -3 -2 S 1 -1 1 0 -1 0 0 0 -1 -2 -2 0 -1 -2 -1 4 1 -3 -2 -2 T 0 -1 0 -1 -1 -1 -1 -2 -2 -1 -1 -1 -1 -2 -1 1 5 -2 2 0 W -3 -3 -4 -4 -2 -2 -3 -2 -2 -3 -2 -3 -1 1 -4 -3 -2 11 2 -3 Y -2 -2 -2 -3 -2 -1 -2 -3 2 -1 -1 -2 -1 3 -3 -2 -2 2 7 -1 V 0 -3 -3 -3 -1 -2 -2 -3 -3 3 1 -2 1 -1 -2 -2 0 -3 -1 4 </pre> <p>Открытие промежутка – -8. Удлинение промежутка – -1. Какова стоимость выравнивания (выберите один правильный ответ): AACDQRST A-CD--ST а) 13 б) 11 в) 17 г) 21</p>	<p>б</p>
<p>ОПК6/ОПК6. 3</p>	<p>47. Дана следующая матрица аминокислотных замен:</p> <pre> A R N D C Q E G H I L K M F P S T A 4 -1 -2 -2 0 -1 -1 0 -2 -1 -1 -1 -1 -2 -1 1 0 R -1 5 0 -2 -3 1 0 -2 0 -3 -2 2 -1 -3 -2 -1 -1 N -2 0 6 1 -3 0 0 0 1 -3 -3 0 -2 -3 -2 1 0 D -2 -2 1 6 -3 0 2 -1 -1 -3 -4 -1 -3 -3 -1 0 -1 C 0 -3 -3 -3 9 -3 -4 -3 -3 -1 -1 -3 -1 -2 -3 -1 -1 Q -1 1 0 0 -3 5 2 -2 0 -3 -2 1 0 -3 -1 0 -1 E -1 0 0 2 -4 2 5 -2 0 -3 -3 1 -2 -3 -1 0 -1 G 0 -2 0 -1 -3 -2 -2 6 -2 -4 -4 -2 -3 -3 -2 0 -2 H -2 0 1 -1 -3 0 0 -2 8 -3 -3 -1 -2 -1 -2 -1 -2 I -1 -3 -3 -3 -1 -3 -3 -4 -3 4 2 -3 1 0 -3 -2 -1 L -1 -2 -3 -4 -1 -2 -3 -4 -3 2 4 -2 2 0 -3 -2 -1 K -1 2 0 -1 -3 1 1 -2 -1 -3 -2 5 -1 -3 -1 0 -1 M -1 -1 -2 -3 -1 0 -2 -3 -2 1 2 -1 5 0 -2 -1 -1 F -2 -3 -3 -3 -2 -3 -3 -3 -1 0 0 -3 0 6 -4 -2 -2 P -1 -2 -2 -1 -3 -1 -1 -2 -2 -3 -3 -1 -2 -4 7 -1 -1 S 1 -1 1 0 -1 0 0 0 -1 -2 -2 0 -1 -2 -1 4 1 T 0 -1 0 -1 -1 -1 -1 -2 -2 -1 -1 -1 -1 -2 -1 1 5 W -3 -3 -4 -4 -2 -2 -3 -2 -2 -3 -2 -3 -1 1 -4 -3 -2 Y -2 -2 -2 -3 -2 -1 -2 -3 2 -1 -1 -2 -1 3 -3 -2 -2 V 0 -3 -3 -3 -1 -2 -2 -3 -3 3 1 -2 1 -1 -2 -2 0 </pre> <p>Открытие промежутка – -8. Удлинение промежутка – -1. Какова стоимость выравнивания (выберите один правильный ответ): AACDQRST A-CD-SST а) 13 б) 11 в) 17 г) 19</p>	<p>б</p>
<p>ОПК6/ОПК6.</p>	<p>48. По имеющимся последовательностям и матрице замен у Вас получилась следующая</p>	<p>в</p>

3	«трассировка» выравнивания:	
		А С А С С Т Т А
	С	
	С	
	А	
	Т	
	С	
	С	
	А	
	А	
<p>Какое из выравниваний соответствует этой трассе (расставьте правильно гэпы) (выберите один правильный ответ):</p> <p>а) АСА_ССТТА ССАТССА_А</p> <p>б) А_АССТТ__А СС_А__ТССАА</p> <p>в) АСА_ССТТА ССАТСС_АА</p> <p>г) АСАССТТА ССАТСС_АА</p>		

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Вопросы	Правильные ответы
<i>Дополните</i>		
ОПК1/ОП К1.1	49. Ксенологи – это...	гомологичные последовательности, возникшие при горизонтальном переносе генов
ОПК1/ОПК1.1	50. Ортологи – это...	гомологичные последовательности, образовавшиеся в результате события видообразования
ОПК1/ОПК1.1	51. Паралоги – это...	гомологичные гены, образовавшиеся в результате события дупликации
ОПК1/ОПК1.1	52. Неультраметрическое филогенетическое дерево – это...	дерево, в котором встречаются как равные, так и

		неравные расстояния от корня до листьев
ОПК1/ОПК1.1	53. Гомологи – это...	последовательность и гомологичны если они произошли от одной общей для них последовательности
ОПК1/ОПК1.1	54. Тест может быть проведен на филогенетическом дереве, построенном по NJ алгоритму, чтобы высказать предположение о его корректности...	тест на аддитивность
ОПК1/ОПК1.1	55. Свойство аддитивности филогенетического дерева - ...	для любых четырех оту сумма любых двух расстояний равна и больше третьей суммы
ОПК1/ОПК1.1	56. Дана следующая строка: ((рассоон, bear),(sea_lion,seal),((monkey,cat), weasel)),dog). Как называется этот формат записи и что он описывает?	формат newick. описывает топологию филогенетических деревьев
ОПК1/ОПК1.1	57. Таксон – это...	группа в классификации, состоящая из дискретных объектов, объединяемых на основании общих свойств и признаков
ОПК1/ОПК1.1	58. Корень филогенетического дерева – это...	общий предок для всех изучаемых последовательностей в филогенетическом дереве
ОПК1/ОПК1.1	59. Лист филогенетического дерева – это...	реальный современный объект. последовательность, соответствующая внешней вершине графа
ОПК1/ОПК1.1	60. Ветвь филогенетического дерева – это...	ребро графа филогенетического дерева
ОПК1/ОПК1.1	61. Операционная таксономическая единица (OTU) – это...	последовательность вида,

		располагающаяся в листе филогенетического дерева
ОПК1/ОПК1.1	62. Клада – это...	группа последовательностей (otu) и их общий предок
ОПК1/ОПК1.1	63. Гипотеза «молекулярных часов» утверждает, что...	количество значимых замен в одном гене в разных ветвях (видах) имеет линейную зависимость от времени
ОПК1/ОПК1.1	64. Молекулярная вычислительная филогенетика – это...	способ восстановления родственных связей, реконструирование эволюционных событий и построение филогенетических деревьев
ОПК1/ОПК1.1	65. Программное обеспечение для докинга и скоринга...	Glide, AutoDock, GOLD
ОПК1/ОПК1.1	66. Перечислите некоторые трудности молекулярного докинга...	выбор правильной функции оценки (скоринга), определение правильной структуры сайта связывания
ОПК1/ОПК1.1	67. Жёсткий докинг – это...	у исследуемых молекул длины ковалентных связей, планарные и торсионные углы не изменяются
ОПК1/ОПК1.1	68. Докинг – это...	метод молекулярного моделирования, целью которого является нахождение ориентации одной молекулы по отношению к другой при образовании комплекса

ОПК1/ОПК1.1	<p>69. Нужно сравнить структуры двух белков по формуле стандартного отклонения (см. рисунок). <math>N_{res}</math> – количество аминокислот, <math>r^a_i</math> и <math>r^b_i</math> – векторы координат <math>C_a</math> атомов <math>i</math>-аминокислоты белка А и белка В соответственно.</p> $\left( \frac{1}{N_{res}} \sum_{i=1}^{N_{res}}  \bar{r}_i^a - \bar{r}_i^b ^2 \right)^{1/2}$ <p>Какую процедуру нужно выполнить над структурами белков прежде, чем применять эту формулу для их сравнения?</p>	процедуру структурного выравнивания
ОПК1/ОПК1.1	70. Авторы алгоритма парного глобального выравнивания...	С. Нидлман, К. Вунш
ОПК1/ОПК1.1	71. Матрицы сравнения последовательностей BLOSUM...	аббревиатура от Block Substitution Matrix
ОПК1/ОПК1.1	72. Примеры локального выравнивания....	поиск сигналов, поиск консервативных участков, активных сайтов, сравнение двух дистантных в эволюционном плане последовательностей
ОПК1/ОПК1.1	73. Особенностью алгоритма FASTA для ускорения поиска лучшего выравнивания является	поиск «слов», участков их совпадений. затем – обычное динамическое программирование с исключением из поиска областей, где слова не обнаружены
ОПК1/ОПК1.2	74. Укажите ПО\сервисы, входящие в состав BLAST на NCBI.	Blastn и blastp, Psi-blast, Blastx и tblastx, Tblastn
ОПК1/ОПК1.2	75. Метод GOR и Chou-Fasman применяются для...	Предсказания вторичных структур по последовательности и белка
ОПК1/ОПК1.2	76. Какой тип представления следует выбрать в любой программе для визуализации белков, чтобы увидеть и проанализировать элементы вторичной структуры?	Ribbons, Cartoons
ОПК1/ОПК1.2	77. Нужно построить множественное	$n*(n-1)/2$



	выравнивание для n последовательностей. Сколько парных выравниваний нужно построить для этого?	
ОПК1/ОПК1.2	78. Вторичные структуры белков...	повороты, альфа-спирали, бета-листы
ОПК1/ОПК1.2	79. Третичная структура – это...	пространственное строение (включая конформацию) всей молекулы белка или другой макромолекулы
ОПК1/ОПК1.2	80. Фолдинг белка - ...	Физический процесс спонтанного сворачивания полипептидной цепи в нативную пространственную структуру
ОПК1/ОПК1.2	81. Какие существуют методы предсказания третичной структуры белка?	Ab-initio метод. Распознавание фолда. Моделирование по гомологии.
ОПК1/ОПК1.2	82. Качественное моделирование структуры белка по гомологии невозможно без...	Наличие в шаблонной 3D структуре элементов вторичной структуры в достаточном количестве
ОПК1/ОПК1.2	83. Моделирование структуры белка по гомологии – назовите известные методы или сервисы...	Phyre2. Swiss-Model
ОПК1/ОПК1.2	84. Распознавание фолда (threading) применяется для...	Предсказание третичной структуры белка при невысокой идентичности последовательностей
ОПК1/ОПК1.2	85. Моделирование структуры белка при помощи распознавания фолда – назовите известные методы или сервисы...	RaptorX. I-Tasser. HHPred.
ОПК1/ОПК1.2	86. База данных Pfam – это...	База данных семейств белков
ОПК1/ОПК1.2	87. База данных SCOP и SCOP2 – это...	Структурная классификация белков
ОПК1/ОПК1.2	88. CATH – это...	Структурная классификация доменов белков

ОПК1/ОПК1.2	89. Назовите методы экспериментального определения структуры белка.	Рентгеноструктурный анализ. Ядерно-магнитный резонанс. Электронная микроскопия.
ОПК1/ОПК1.2	90. Свойства подхода UPGMA.	Базируется на гипотезе о верности «молекулярных часов». Расстояние всех OTU от корня одинаково.
ОПК1/ОПК1.2	91. Алгоритмы построения филогенетических деревьев.	UPGMA. Neighbor Joining. Алгоритм максимальной бережливости.
ОПК1/ОПК1.2	92. Свойства алгоритма Neighbor Joining	Строит неукоренённые филогенетические деревья. Не привязан к гипотезе «молекулярных часов».
ОПК1/ОПК1.2	93. Свойства алгоритма максимальной бережливости (Maximum Parsimony)	строит филогенетическое дерево, объясняющее экспериментальные данные наименьшим числом эволюционных событий.
ОПК1/ОПК1.2	94. Гибкий докинг – это...	процедура докинга, которая допускает конформационные изменения молекул
ОПК1/ОПК1.2	95. Назовите методы/сервисы оценки качества полученной в результате эксперимента или моделирования структуры белка.	ProCheck. What_If. MolProbity
ОПК1/ОПК1.2	96. Методику переноса ДНК на нитроцеллюлозный фильтр разработал...	Саузерн
ОПК1/ОПК1.2	97. При полимеразной цепной реакции количество ДНК от цикла к циклу увеличивается...	в геометрической прогрессии
ОПК1/ОПК1.3	98. Поиск гомологичных	BLAST

	последовательностей осуществляет программа...	
ОПК1/ОПК1.3	99. Алгоритм иммуноопосредованных заболеваний включает...	диагностики сбор анамнеза, клиническое обследование, общее лабораторно-инструментальное обследование, молекулярно-генетическое обследование
ОПК1/ОПК1.3	100. Гибридизация в тканевых срезах (in situ) – это гибридизация...	FISH
ОПК1/ОПК1.3	101. Истерн-блот – это...	детекция посттрансляционных модификаций белков
ОПК1/ОПК1.3	102. Метод Сэнгера – это...	дидезоксинуклеотидный (ферментативный) метод
ОПК1/ОПК1.3	103. Технологией секвенирования, успешно применяемой в рутинных клинических исследованиях МБТ в нескольких референтных лабораториях мира, является...	NGS
ОПК1/ОПК1.3	104. Группа методов диагностики наследственной патологии, которая позволяет выявить микроделеции и микродупликации, называется...	молекулярно-цитогенетические методы диагностики
ОПК1/ОПК1.3	105. Изменение числа хромосом в кариотипе является...	геномной мутацией
ОПК1/ОПК1.3	106. Капиллярный электрофорез используется при...	секвенировании по Сэнгеру
ОПК1/ОПК1.3	107. Ключевым отличием NGS от секвенирования по Сэнгеру является...	возможность одновременного секвенирования множества фрагментов ДНК
ОПК1/ОПК1.3	108. Метод диагностики FISH относится к группе...	молекулярно-цитогенетических методов
ОПК1/ОПК1.3	109. Молекулярно-генетический метод, основанный на использовании эндонуклеазы, называется...	полиморфизм длин рестриционных фрагментов
ОПК1/ОПК1.3	110. Для решения каких задач можно использовать алгоритм BLAST	для поиска гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных

ОПК1/ОПК1.3	111. Какие прикладные задачи решает биоинформатика последовательностей	поиск похожих последовательностей нуклеотидов, сборка молекулы ДНК de novo из отдельных фрагментов
ОПК1/ОПК1.3	112. Секвенирование ДНК - это	общее название методов, которые позволяют определить последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК
ОПК1/ОПК1.3	113. Первое поколение секвенирования включает...	метод Максама-Гилберта, метод Сэнгера
ОПК1/ОПК1.3	114. Ключевым отличием NGS от секвенирования по Сэнгеру является...	возможность одновременного секвенирования множества фрагментов ДНК
ОПК1/ОПК1.3	115. Метод диагностики FISH относится к группе...	молекулярно-цитогенетических методов
ОПК1/ОПК1.3	116. Молекулярно-генетический метод, основанный на использовании эндонуклеазы, называется...	полиморфизм длин рестриционных фрагментов
ОПК1/ОПК1.3	117. На хроматограмме секвенирования по Сэнгеру последовательность цветных пиков отражает...	последовательность нуклеотидов во фрагменте ДНК
ОПК1/ОПК1.3	118. Оптимальная длина нуклеотидной последовательности, которую можно проанализировать методом секвенирования по Сэнгеру, должна быть...	не более 1000 нуклеотидов
ОПК1/ОПК1.3	119. Однонуклеотидная замена, в результате которой измененный кодон начинает кодировать другую аминокислоту, называется....	миссенс-мутация
ОПК1/ОПК1.3	120. Особенностью метода мультиплексной ПЦР является...	применение нескольких пар праймеров
ОПК1/ОПК1.3	121. Причиной обрыва синтеза цепи в методе секвенирования по Сэнгеру является...	включение в цепь дидезоксинуклеотида
ОПК1/ОПК1.3	122. Разделение фрагментов ДНК при гель-электрофорезе происходит на основании...	разницы длин фрагментов
ОПК1/ОПК1.3	123. Синонимом метода Сэнгера является...	метод обрыва цепи
ОПК1/ОПК1.3	124. Субстратами для реакции пиросеквенирования являются...	АДФ-5'-сульфарилаза, люциферин

ОПК6/ОПК6.1	125. Секвенирования de novo — это...	расшифровка абсолютно неизвестных последовательностей ДНК
ОПК6/ОПК6.1	126. Эндонуклеазы рестрикции — это...	гидролазы, обеспечивающие гидролиз цепи ДНК в строго определенном месте
ОПК6/ОПК6.1	127. При присоединении нуклеотида к цепи ДНК выделяется...	пирофосфат
ОПК6/ОПК6.1	128. Преимущества пиросеквенирования...	быстрая детекция однонуклеотидных полиморфизмов
ОПК6/ОПК6.1	129. Полиморфизмы, не выраженные фенотипически, в лабораторной практике используют для...	идентификации личности
ОПК6/ОПК6.1	130. ddNTP — это...	нуклеотиды, обеспечивающие обрыв цепи
ОПК6/ОПК6.1	131. SNP-типирование — это анализ...	однонуклеотидных полиморфизмов
ОПК6/ОПК6.1	132. Длина фрагмента ДНК, который амплифицируется для реакции пиросеквенирования...	100-300
ОПК6/ОПК6.1	133. Области применения секвенирования...	snp-типирование, генетическая диагностика различных заболеваний, секвенирования de novo
ОПК6/ОПК6.1	134. Преимуществом секвенирования следующего поколения перед секвенированием по Сенгеру является...	высокая производительность
ОПК6/ОПК6.1	135. Разновидности методик секвенирования следующего поколения...	пиросеквенирование, секвенирование путем лигирования, секвенирование путем синтеза
ОПК6/ОПК6.1	136. Второе поколение секвенирования включает технологии...	пиросеквенирование, полупроводниковое секвенирование, секвенирование на молекулярных кластерах, циклическое

		лигазное секвенирование
ОПК6/ОПК6.1	137. Какие задачи помогает решать структурная биоинформатика?	предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры
ОПК6/ОПК6.1	138. Используя современные методы секвенирования ДНК (Next generation sequencing) насколько максимально быстро можно определить почти полный геном человека?	За несколько дней
ОПК6/ОПК6.1	139. Биоинформатика последовательностей включает в себя...	анализ последовательностей оснований или символов в нуклеиновых кислотах (ДНК и РНК) или в белках
ОПК6/ОПК6.1	140. Какие задачи помогает решать молекулярная филогенетика?	установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК
ОПК6/ОПК6.1	141. Геномная биоинформатика включает в себя...	разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов
ОПК6/ОПК6.1	142. Функциональная аннотация последовательностей ДНК предполагает решение следующих задач:	поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками
ОПК6/ОПК6.2	143. Структурная биоинформатика включает в себя:	изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)
ОПК6/ОПК6.2	144. При выделении ДНК методом фенольно-хлороформной экстракции на	в водной фазе

	стадии добавления раствора фенола ДНК содержится...	
ОПК6/ОПК6.2	145. Промывание ДНК после преципитации (осаждения) медузы ДНК осуществляется с помощью...	70% этилового спирта
ОПК6/ОПК6.2	146. Используя метод выделения ДНК методом фенольно-хлороформной экстракции можно добиться...	получение ДНК хорошего качества и высокой концентрации
ОПК6/ОПК6.2	147. Главным недостатком фенольно-хлороформного метода выделения ДНК является...	высокая токсичность, занимает много времени
ОПК6/ОПК6.2	148. Праймеры – это...	короткие синтетические олигонуклеотиды 18-25 оснований, каждый из праймеров комплементарен одной из цепей двуцепочечной матрицы и ограничивает начало и конец амплифицируемого участка
ОПК6/ОПК6.2	149. Температура в ПЦР специфична для каждого локуса и зависит от структуры праймеров от...	отжига праймеров
ОПК6/ОПК6.2	150. Прибор, обеспечивающий периодическое охлаждение и нагревание пробирок, обычно с точностью не менее 0,1 °С, называется...	амплификатор
ОПК6/ОПК6.2	151. При проведении real-time ПЦР накопление флуоресцентного сигнала...	прямо пропорционально накоплению фрагментов ДНК
ОПК6/ОПК6.2	152. Величина обозначает Ct или Cq...	пороговый цикл – величина цикла амплификации, на котором флуоресценция, связанная с накоплением продукта ДНК, превысила значение фоновой флуоресценции
ОПК6/ОПК6.2	153. В основе технологии TaqMan лежит...	эффект гашения флуоресценции
ОПК6/ОПК6.2	154. В основе технологии real-time ПЦР с использованием красителя Syber Green лежит...	способность интеркалирующих красителей к

		флуоресценции в результате присоединения к ДНК
ОПК6/ОПК6.2	155. HRM-анализ ...	это метод, используемый после проведения ПЦР для установления различий в нуклеотидных последовательностях на основании разницы температур плавления ДНК
ОПК6/ОПК6.2	156. При выделении РНК используется тризол, так как он...	во время гомогенизации ткани одновременно поддерживает целостность РНК и способствует разрушению клеток и их компонентов
ОПК6/ОПК6.2	157. При NGS секвенировании по технологии Illumina используется...	стыковочная (мостиковая) амплификация
ОПК6/ОПК6.2	158. Принцип метода DLPLC заключается в том, что...	двухцепочечная молекула ДНК, имеющая даже единичное ошибочное спаривание оснований
ОПК6/ОПК6.2	159. При выделении ДНК методом фенольно-хлороформной экстракции на стадии добавления раствора фенола ДНК содержится...	в водной фазе
ОПК6/ОПК6.2	160. Алгоритм — это:	понятное и точное предписание исполнителю совершить последовательность действий, направленных на решение поставленной задачи или цели
ОПК6/ОПК6.2	161. Разветвляющийся алгоритм — это:	многократное исполнение одних и тех же действий
ОПК6/ОПК6.2	162. Какое из перечисленных значений	среднее значение



	может быть только целым?	трех чисел
ОПК6/ОПК6.2	163. Что такое протокол сети?	сетевая программа
ОПК6/ОПК6.2	164. Информационным процессом является:	процесс расследования преступления
ОПК6/ОПК6.2	165. В системе «человек — телевизор» носителем информации являются:	гравитационное поле
ОПК6/ОПК6.2	166. Не является процессом обработки информации:	тиражирование печатной продукции
ОПК6/ОПК6.2	167. Информационная система - это	совокупность методов индустриализации получения и обработки информации
ОПК6/ОПК6.2	168. Диаграмма – это:	карта местности
ОПК6/ОПК6.2	169. Информатика опирается на:	естественные науки
ОПК6/ОПК6.2	170. Инсерция участка ДНК...	вставка фрагмента ДНК в геном
ОПК6/ОПК6.2	171. Делеция участка ДНК — это...	потеря участка ДНК в геноме
ОПК6/ОПК6.2	172. Процесс удвоения ДНК называется...	репликация
ОПК6/ОПК6.3	173. Методы, позволяющие оценить экспрессию белка...	вестерн-блоттинг, иммуногистохимический анализ
ОПК6/ОПК6.3	174. Кроме экспрессии мРНК, маркерами могут являться...	длинные некодирующие РНК, микроРНК
ОПК6/ОПК6.3	175. Выделяют следующие типы ДНК-маркеров...	генетические, геномные
ОПК6/ОПК6.3	176. Запрещённым вариантом переноса информации является...	РНК – белок
ОПК6/ОПК6.3	177. Трансляция ДНК...	наблюдалась у прокариот
ОПК6/ОПК6.3	178. Фрагментами Оказаки синтезируется цепь...	ни одна
ОПК6/ОПК6.3	179. Для действия ДНК-полимеразы необходимо присутствие...	хеликазы
ОПК6/ОПК6.3	180. Репликация кольцевой молекулы ДНК, начинающаяся в определенной точке кольца, приводящая к образованию вздутия, расширяющегося в 2-х направлениях вдоль хромосомы по мере репликации...	тэта-тип

ОПК6/ОПК6.3	181. Второй уровень спирализации молекулы ДНК в хромосоме эукариот...	нуклеосомма
ОПК6/ОПК6.3	182. В состав нуклеосомы входят следующие гистоны...	H1, H2A, H3 и H4
ОПК6/ОПК6.3	183. Каждая хромосома эукариот содержит...	2 молекулы ДНК
ОПК6/ОПК6.3	184. Мезельсон и сталь показали, что репликация ДНК проходит...	консервативно
ОПК6/ОПК6.3	185. Типы репликации у эукариот...	дисперсный
ОПК6/ОПК6.3	186. Генотип – это...	количество ДНК, находящейся в гаплоидном наборе хромосом
ОПК6/ОПК6.3	187. Запрещённым вариантом переноса информации является...	ДНК – РНК
ОПК6/ОПК6.3	188. Запрещённым вариантом переноса информации является...	белок – белок
ОПК6/ОПК6.3	189. Репликация РНК осуществляется...	у ретровирусов
ОПК6/ОПК6.3	190. Образующиеся при репликации одноцепочечные фрагменты ДНК длиной 1000-2000 п.н. – это...	фрагменты Оказаци
ОПК6/ОПК6.3	191. Репликация, начинающаяся с разрыва фосфодиэфирной связи в одной из цепей родительской молекулы ДНК, при которой кольцевая родительская молекула превращается в 2 дочерние, одна из которых кольцевая, а другая – линейная...	полуконсервативная
ОПК6/ОПК6.3	192. Механическое устройство, позволяющее складывать числа, изобрел	Д. Нейман
ОПК6/ОПК6.3	193. Для какой системы счисления были приспособлены первые семикосточковые счеты?	для семеричной
ОПК6/ОПК6.3	194. Какое устройство в России получило название «железный феликс»?	конторские счеты
ОПК6/ОПК6.3	195. В какие годы XX столетия появилась первая электронно-счетная машина?	в 40-е
ОПК6/ОПК6.3	196. В каком поколении машин ввод данных можно осуществлять с помощью речи?	в 5-м
ОПК6/ОПК6.3	197. Архитектура компьютера — это:	описание программного обеспечения для работы компьютера
ОПК6/ОПК6.3	198. Что такое микропроцессор?	устройство для вывода текстовой или графической информации
ОПК6/ОПК6.3	199. Подключение отдельных периферийных устройств компьютера к магистрали на физическом уровне возможно:	с помощью драйвера
ОПК6/ОПК6.3	200. Внешняя память необходима для:	для долговременного

		хранения информации после выключения компьютера
--	--	---

## Вопросы для проверки теоретических знаний по дисциплине

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Вопросы к экзамену по дисциплине «Биоинформатика»
ОПК1/ОПК1.1	1. История возникновения биоинформатики как науки.
ОПК1/ОПК1.1	2. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы.
ОПК1/ОПК1.1	3. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Специфика работы с биологическими данными.
ОПК1/ОПК1.1	4. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач.
ОПК1/ОПК1.1	5. Оптимизация поиска научной информации с помощью PubMed. Базы данных Entrez, GeneBank, EBI, EMBL, DDBJ и др., модель данных NCBI, основа формирования данных, типы данных для описания объектов (статей, последовательностей ДНК, белков, данные изменения генной экспрессии) в БД, структура записей в файлах (ключевые слова, сокращения и т.п.), форматы представления данных (Fasta, и др.), особенности представления данных в базах данных.
ОПК1/ОПК1.1	6. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).
ОПК1/ОПК1.1	7. Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей.
ОПК1/ОПК1.2	8. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги.
ОПК1/ОПК1.2	9. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM).
ОПК1/ОПК1.2	10. Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана).
ОПК1/ОПК1.2	11. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene.
ОПК1/ОПК1.2	12. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Toffee.
ОПК1/ОПК1.2	13. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.

ОПК1/ОПК1.3	14. Домены и профили. Регулярные выражения. БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.
ОПК1/ОПК1.3	15. Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований.
ОПК1/ОПК1.3	16. Современные принципы биологической таксономии.
ОПК1/ОПК1.3	17. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях.
ОПК1/ОПК1.3	18. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дубликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации).
ОПК1/ОПК1.3	19. Транзиции и трансверсии.
ОПК6/ОПК6.1	20. Факторы эволюции генетических систем.
ОПК6/ОПК6.1	21. Генетическая и эпигенетическая наследственность.
ОПК6/ОПК6.1	22. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений.
ОПК6/ОПК6.1	23. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев.
ОПК6/ОПК6.1	24. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.
ОПК6/ОПК6.1	25. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная).
ОПК6/ОПК6.2	26. Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла.
ОПК6/ОПК6.2	27. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD).
ОПК6/ОПК6.2	28. Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST).
ОПК6/ОПК6.2	29. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.
ОПК6/ОПК6.2	30. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот.
ОПК6/ОПК6.2	31. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.
ОПК6/ОПК6.2	32. Современные принципы работы с целым геномом.
ОПК6/ОПК6.2	33. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов.
ОПК6/ОПК6.2	34. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом.
ОПК6/ОПК6.2	35. Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов.
ОПК6/ОПК6.2	36. Технология RNASeq.
ОПК6/ОПК6.3	37. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) - базы данных по экспрессии генов.
ОПК6/ОПК6.3	38. БД EBI: Array Express и Expression Atlas.
ОПК6/ОПК6.3	39. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо-экспрессируемых генов.
ОПК6/ОПК6.3	40. Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей).
ОПК6/ОПК6.3	41. Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных.

ОПК6/ОПК6.3	42. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния.
ОПК6/ОПК6.3	43. Статистический анализ микроэрейных данных.
ОПК6/ОПК6.3	44. Статистический анализ RNASeq данных.
ОПК6/ОПК6.3	45. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.
ОПК6/ОПК6.3	46. Биоинформатика для протеомных исследований.
ОПК6/ОПК6.3	47. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка.
ОПК6/ОПК6.3	48. Протеолитические пептиды.
ОПК6/ОПК6.3	49. Базы данных SWISS-2DPAGE, PeptideAtlas, Human Proteome Atlas, NeXtProt.

## Задания для проверки сформированных знаний, умений и навыков

На открытое задание рекомендованное время – 15 мин.

Компетенции и /индикаторы достижения компетенции и	Задачи
ОПК1/ОПК 1.1	<p>1. Допустим, нам даны 4 последовательности: S1=act, S2=agct, S3=aact и S4=acct. Парные выравнивания этих последовательностей следующие:</p> <pre> a-ct agct a-ct aact a-ct acct </pre> <p>По ним были построены 2 варианта MSA (в зависимости от параметров\применения алгоритма). Какой из этих вариантов Вы предпочтёте и почему?</p> <p style="text-align: center;"> <span style="margin-right: 100px;">Вариант №1</span> <span>Вариант №2</span> </p> <pre> a-ct      a---ct agct      ag--ct aact      a-a-ct acct      a--cct </pre>
Ответ	Вариант №1 – в нём консервативный участок просматривается более явно.
ОПК1/ОПК 1.2	<p>2. MSA последовательностей с параметрами по умолчанию (gap penalty - 10) выглядит так:</p> <pre> AGCT ACCT -ACT AACT </pre> <p>То есть имеется два полных совпадения и один промежуток. Очевидно, что есть лучшее выравнивание с тремя полными совпадениями и одним промежутком. Объясните логику построения этого выравнивания. Как нужно изменить параметры выравнивания для того, чтобы его улучшить</p>
Ответ	При построении guide tree штраф концевых гэпов был меньше, чем гэпов внутри последовательностей. Ввести запрет на концевые гэпы\назначить для них самый большой среди штрафов.
ОПК1/ОПК 1.2	<p>3. Дано две последовательности белков со слабым, отдалённым сходством. Также Вы знаете последовательности их генов. Почему Вы можете ожидать лучшее выравнивание при использовании последовательностей белков.</p>

Ответ	Потому что при сравнении дистантных белков по нуклеотидной последовательности кодирующих генов, с учётом избыточности генетического кода, выравнивание может дать искажённые, сильно заниженные результаты. Кроме того, матрицы BLOSUM чувствительнее к таким случаям, чем PAM-матрицы.
ОПК1/ОПК 1.2	4. Когда мы анализируем выравнивание аминокислотных последовательностей, мы обращаем внимание не только на совпадение\несовпадение символов, а ещё и на похожесть представляемых ими аминокислот. Какая биологическая логика за этим стоит?
Ответ	Похожие аминокислоты скорее всего не приведут к серьёзным изменениям в структуре белка\активного центра и скорее всего функция белка сохранится.
ОПК1/ОПК 1.3	5. Дано две случайно сгенерированных нуклеотидных последовательности. Ожидалось, что в их выравнивании с промежутками будет 25% идентичных нуклеотидов в столбцах. Однако при проверке их оказалось больше, чем 25%. Почему?
Ответ	Причина в параметрах алгоритма выравнивания и в расставленных гэпах.
ОПК1/ОПК 1.3	6. Есть выравнивание двух аминокислотных последовательностей с 20% идентичности. Как проверить достоверность выравнивания?
Ответ	Провести бутстрэп-тест и посчитать alignment score.
ОПК6/ОПК 6.1	$score = \sum_{b \neq a} \sum_{a=1}^{N_{seq}} S_{a,b}$ <p>7. Что такая запись обозначает словами?</p>
Ответ	Первая (справа) сумма – это score парных выравниваний последовательности b со всеми остальными. Вторая (слева) сумма – суммирование оценок из первой суммы по всем b. В итоге – общая оценка MSA.
ОПК6/ОПК 6.1	8. При MSA один из этапов – построение guide tree. Каким образом узлы объединяются вместе?
Ответ	При помощи distance based алгоритмов кластеризации (UPGMA или Neighbor joining).
ОПК6/ОПК 6.2	9. После построения MSA была подсчитана вариабельность\консервативность аминокислот (S) как функция от позиции аминокислоты в последовательности (см.рисунок). Аминокислоты 37 и 43 показывают выраженную консервативность. Почему эти аминокислоты могут быть важны?



<p>Ответ</p>	<p>Потому что факт эволюционирования и «фиксации» в поколениях и видах определённых позиций говорит о том, что эти аминокислоты обеспечивают выполнение жизненно важной функции.</p>
<p>ОПК6/ОПК 6.2</p>	<p>10. Есть три последовательности А, В, С. Последовательности В и С некоторым образом попарно выравниваются с А. Получить хорошее парное выравнивание В и С не удаётся. Почему?</p>
<p>Ответ</p>	<p>В и С – последовательности разных доменов. А – последовательность многодоменного белка, в составе которой есть В и С. При небольшом проценте идентичности (&lt;40%) транзитивность в выравнивании может нарушаться.</p>
<p>ОПК6/ОПК 6.3</p>	<p>11. Был построен MSA для 500 последовательностей фермента тирозин киназа. Оказалось, что очень мало сайтов демонстрирует эволюционную консервативность. Что нужно сделать, чтобы в MSA этих сайтов стало больше?</p>
<p>Ответ</p>	<p>Убрать из списка последовательностей дистантные гомологи. Изменить параметры выравнивания и построения guide tree (матрицы замен для дистантных гомологов, ослабить штрафы за промежутки).</p>
<p>ОПК6/ОПК 6.3</p>	<p>12. Дано филогенетическое дерево. Какая строка описывает эту топологию?</p>
<p>Ответ</p>	<p><math>((x2,x6),((x7,(x4,(x1,x3))),)(x5,x8)))</math></p>
<p>ОПК6/ОПК</p>	<p>13. Почему динамическое программирование (квадратический алгоритм, сложность <math>L^n</math>) используется для парного выравнивания и практически</p>

6.3	не применяется для выравнивания нескольких последовательностей (MSA)?
Ответ	Потому что это слишком долго. Для 20-и последовательностей длины 200 букв получаем $200^{20}$ ( $1,048576 \times 10^{46}$ вариантов).
ОПК6/ОПК 6.3	14. Дан PDB файл, в котором структура была исследована при помощи рентгеноструктурного анализа с разрешением 1.5 Å. Между тем в главной цепи расстояния C-N равны 1.32 Å. Объясните этот феномен.
Ответ	Известно, что разрешение в 2Å приводит к погрешности в определении координат в 0,2Å. Поскольку радиус Ван-дер-Ваальса атома углерода – 3,4-3,7 Å, то алгоритмы постобработки могут определить центры атомов с большой точностью при указанном разрешении X-Ray.

# ШКАЛЫ И КРИТЕРИЙ ОЦЕНКИ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ

## ПО ДИСЦИПЛИНЕ

### «Биоинформатика»

Проведение экзамена по дисциплине «Биоинформатика» как основной формы проверки знаний, умений и навыков обучающихся предполагает соблюдение ряда условий, обеспечивающих педагогическую эффективность оценочной процедуры. Важнейшие среди них:

1. обеспечить самостоятельность ответа обучающегося по билетам и заданным вопросам одинаковой сложности требуемой программой уровня;
2. определить глубину знаний программы по дисциплине;
3. определить уровень владения научным языком и терминологией;
4. определить умение логически, корректно и аргументированно излагать ответ на экзамене;
5. определить умение и навыки выполнять предусмотренные программой задания.

Высокий уровень «отлично» заслуживает ответ, содержащий:

- глубокое и систематическое знание всего программного материала;
- свободное владение научным языком и терминологией;
- логически корректное и аргументированное изложение ответа;
- умение выполнять предусмотренные программой задания.

Средний уровень «хорошо» заслуживает ответ, содержащий:

- знание важнейших разделов и основного содержания программы;
- умение пользоваться научным языком и терминологией;
- в целом логически корректное, но не всегда аргументированное изложение ответа;
- умение выполнять предусмотренные программой задания.

Минимальный уровень «удовлетворительно» заслуживает ответ, содержащий:

- фрагментарные, поверхностные знания важнейших разделов и основного содержания программы;
- затруднения в использовании научного языка и терминологии;
- стремление логически, последовательно и аргументированно изложить ответ;
- затруднения при выполнении предусмотренных программой заданий.

Минимальный уровень не достигнет «неудовлетворительно» заслуживает ответ, содержащий:

- незнание вопросов основного содержания программы;
- неумение выполнять предусмотренные программой задания.