

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

УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе
Д.А. Валишин
2023 г.



ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Биоинформатика

Разработчик	кафедра фундаментальной и прикладной микробиологии
Специальность/Направление подготовки	06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика
Наименование ООП	06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика
Квалификация	Биоинженер и биоинформатик
ФГОС ВО	Утвержден Приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации от «12» августа 2020 г. №973

Уфа 2023

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	06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика
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:

Наименование компетенции	Индикатор достижения компетенции
<p>ОПК-4. Способен применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и для получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, проводить анализ результатов и методического опыта исследования, определять практическую значимость исследования</p>	<p>ОПК-4.1. Знать способы применения методов биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами; алгоритм проведения анализа результатов и методического опыта исследования; способы определения практической значимости исследования.</p>
	<p>ОПК-4.2. Уметь применять методы биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и получения биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами; проводить анализ результатов и методического опыта исследования; способен определять практическую значимость исследования.</p>
	<p>ОПК-4.3. Владеть методами биоинженерии и биоинформатики для получения новых знаний и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами; алгоритмом проведения анализа результатов и методического опыта исследования; способами определения практической значимости исследования.</p>
<p>ОПК-5. Способен находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки, владеть основными биоинформатическими средствами анализа</p>	<p>ОПК-5.1. Знать способы нахождения и использования информации, накопленной в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки; знает основные биоинформатические средства анализа.</p>
	<p>ОПК-5.2. Уметь находить и использовать информацию, накопленную в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки; пользоваться основными биоинформатическими средствами анализа.</p>
	<p>ОПК-5.3. Владеть способами нахождения и использования информации, накопленной в базах данных по биологическим объектам, включая нуклеиновые кислоты и белки; основными биоинформатическими средствами анализа.</p>
<p>ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-</p>	<p>ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.</p>
	<p>ПК-1.2. Применять современные</p>

<p>исследовательскую работу в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин, а также оформлять ее в письменной форме, излагать в устной форме и участвовать в различных формах дискуссий</p>	<p>подходы, характерные для биоинженерии и биоинформатики, для решения проблем, стоящих как перед фундаментальной, так и прикладной наукой.</p> <p>ПК-1.3. Использовать полученные знания и профессиональные навыки для грамотного анализа большого массива информации по биологическим объектам.</p> <p>ПК-1.5. Использовать методы биоинформатики и биоинженерии в молекулярной диагностике, выборе новых мишеней для лекарственных препаратов, медико-диагностических исследованиях.</p>
<p>ПК-2. Способен заниматься педагогической деятельностью в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин на основе знаний принципов педагогической деятельности; формировать и излагать учебный материал.</p>	<p>ПК-2.1. Преподавать биоинженерию, биоинформатику и смежные дисциплины (читать лекции, проводить семинары и практикумы) в образовательных организациях основного общего, среднего общего, среднего профессионального и высшего образования.</p> <p>ПК-2.2. Составлять учебники и учебные пособия по биоинженерии и биоинформатике.</p> <p>ПК-2.3. Разрабатывать методические рекомендации, необходимые для преподавания теоретических основ и практического применения биоинженерии и биоинформатики.</p> <p>ПК-2.4. Руководить курсовыми и выпускными квалификационными работами по биоинженерии, биоинформатике и смежным дисциплинам.</p>

Задания

На закрытый вопрос рекомендованное время – 2 мин.

На открытое задание рекомендованное время – 4 мин.

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Тестовые вопросы	Правильные ответы
ОПК4/ОПК 4.1	<p>1. ОБЪЕКТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ БИОИНФОРМАТИКИ:</p> <p>а) Параметры сердечного ритма и их математическое моделирование</p> <p>б) Последовательности ДНК и белков</p> <p>в) Электрические явления головного мозга</p> <p>г) Компьютерные сети и IT инфраструктура больниц, поликлиник и аптек</p>	б
ОПК4/ОПК 4.1	<p>2. ЧТО ОТНОСИТСЯ К ЗАДАЧАМ БИОИНФОРМАТИКИ:</p> <p>а) Изучение и восстановление эволюционных событий, филогения, структурный и функциональный анализ и аннотация ДНК и белков</p> <p>б) Математическое и IT сопровождение работы медико-биологических учреждений</p> <p>в) Изучение информационных полей организма человека</p> <p>г) Изучение информационных полей микроорганизмов</p>	а
ОПК4/ОПК 4.1	<p>3. СКОЛЬКО В ДВУХЦЕПОЧНОЙ ДНК МОЖЕТ БЫТЬ ОТКРЫТЫХ РАМОК СЧИТЫВАНИЯ:</p> <p>а) 2</p> <p>б) 3</p> <p>в) 4</p> <p>г) 6</p>	г
ОПК4/ОПК 4.1	<p>4. МЕТОДЫ БИОИНФОРМАТИКИ – ЭТО:</p> <p>а) Маршрутизация в сетях TCP/IP</p> <p>б) Секвенирование</p> <p>в) Математическое моделирование сигналов коры головного мозга</p> <p>г) Парное и множественное выравнивание, докинг и скоринг</p>	г
ОПК4/ОПК 4.2	<p>5. ПОИСК ОТКРЫТОЙ РАМКИ СЧИТЫВАНИЯ В ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК:</p> <p>а) Это поиск старт-кодона и отсутствие стоп-</p>	а

	<p>кодона на достаточно протяжённом участке ДНК</p> <p>б) Это поиск старт-кодона и наличие сайта связывания фактора транскрипции</p> <p>в) Это поиск стоп-кодона и обратный отсчёт составляющий интрон нуклеотидов</p> <p>г) Это поиск промотора и отсутствие стоп-кодона на достаточно протяжённом участке ДНК</p>	
ОПК4/ОПК 4.2	<p>6. NCBI – ЭТО:</p> <p>а) Национальный Центр Биоинформатических Исследований</p> <p>б) Новый Центр Биологической Информации</p> <p>в) Национальный Центр Биотехнологической Информации</p> <p>г) Некоммерческий Биоинформатический Институт</p>	в
ОПК4/ОПК 4.2	<p>7. ENTREZ – ЭТО:</p> <p>а) Это поисковая машина GenBank</p> <p>б) Это приложение-аналог Vector NTI, распространяемое свободно</p> <p>в) Это название ежегодной конференции по биоинформатике</p> <p>г) Это поисковая машина NCBI</p>	г
ОПК4/ОПК 4.2	<p>8. BLAST – ЭТО:</p> <p>а) Средство нахождения оптимального глобального выравнивания</p> <p>б) Это набор программ для поиска локального выравнивания</p> <p>в) Набор программ для структурного выравнивания белков</p> <p>г) Это база данных локальных выравниваний</p>	б
ОПК4/ОПК 4.3	<p>9. FLYBASE – ЭТО:</p> <p>а) База данных биоразнообразия</p> <p>б) База данных модельного организма</p> <p>в) Литературная база данных</p> <p>г) База данных биомолекул</p>	б
ОПК4/ОПК 4.3	<p>10. ВИДЫ ПАРНОГО ВЫРАВНИВАНИЯ:</p> <p>а) Частичное</p> <p>б) Глобальное и локальное</p> <p>в) Усреднённое</p> <p>г) Сравнительное</p>	б
ОПК4/ОПК 4.3	<p>11. АВТОРЫ АЛГОРИТМА ПАРНОГО ЛОКАЛЬНОГО ВЫРАВНИВАНИЯ:</p> <p>а) Ф. Сенгер</p> <p>б) Т. Смит</p> <p>в) Ф. Крик</p> <p>г) М. Гилберт</p>	б
ОПК4/ОПК 4.3	<p>12. НАЗОВИТЕ ЦЕЛИ ПАРНОГО ГЛОБАЛЬНОГО ВЫРАВНИВАНИЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ:</p> <p>а) Один из этапов множественного выравнивания</p>	а

	<p>а) Сравнение аминокислотной и нуклеотидной последовательностей</p> <p>б) Моделирование начального этапа клеточного цикла</p> <p>в) Сравнение негомологичных последовательностей примерно одной длины</p>																										
ОПК5/ОПК 5.1	<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																									
ОПК5/ОПК 5.1	<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																									
ОПК5/ОПК 5.1	<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 AATAAT и AAGG, 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																							
ОПК5/ОПК 5.1	<p>16. ДАНА СЛЕДУЮЩАЯ МАТРИЦА АМИНОКИСЛОТНЫХ ЗАМЕН:</p>	B																									

	<p>A R N D C Q E G H I L K M F P S T W Y V</p> <p>A 4 -1 -2 -2 0 -1 -1 0 -2 -1 -1 -1 -2 -1 1 0 -3 -2 0</p> <p>R -1 5 0 -2 -3 1 0 -2 0 -3 -2 2 -1 -3 -2 -1 -1 -3 -2 -3</p> <p>N -2 0 6 1 -3 0 0 0 1 -3 -3 0 -2 -3 -2 1 0 -4 -2 -3</p> <p>D -2 -2 1 6 -3 0 2 -1 -1 -3 -4 -1 -3 -3 -1 0 -1 -4 -3 -3</p> <p>C 0 -3 -3 -3 9 -3 -4 -3 -3 -1 -1 -3 -1 -2 -3 -1 -1 -2 -2 -1</p> <p>Q -1 1 0 0 -3 5 2 -2 0 -3 -2 1 0 -3 -1 0 -1 -2 -1 -2</p> <p>E -1 0 0 2 -4 2 5 -2 0 -3 -3 1 -2 -3 -1 0 -1 -3 -2 -2</p> <p>G 0 -2 0 -1 -3 -2 -2 6 -2 -4 -4 -2 -3 -3 -2 0 -2 -2 -3 -3</p> <p>H -2 0 1 -1 -3 0 0 -2 8 -3 -3 -1 -2 -1 -2 -1 -2 -2 2 -3</p> <p>I -1 -3 -3 -3 -1 -3 -3 -4 -3 4 2 -3 1 0 -3 -2 -1 -3 -1 3</p> <p>L -1 -2 -3 -4 -1 -2 -3 -4 -3 2 4 -2 2 0 -3 -2 -1 -2 -1 1</p> <p>K -1 2 0 -1 -3 1 1 -2 -1 -3 -2 5 -1 -3 -1 0 -1 -3 -2 -2</p> <p>M -1 -1 -2 -3 -1 0 -2 -3 -2 1 2 -1 5 0 -2 -1 -1 -1 1</p> <p>F -2 -3 -3 -3 -2 -3 -3 -3 -1 0 0 -3 0 6 -4 -2 -2 1 3 -1</p> <p>P -1 -2 -2 -1 -3 -1 -1 -2 -2 -3 -3 -1 -2 -4 7 -1 -1 -4 -3 -2</p> <p>S 1 -1 1 0 -1 0 0 0 -1 -2 -2 0 -1 -2 -1 4 1 -3 -2 -2</p> <p>T 0 -1 0 -1 -1 -1 -1 -2 -2 -1 -1 -1 -1 -2 -1 1 5 -2 -2 0</p> <p>W -3 -3 -4 -4 -2 -2 -3 -2 -2 -3 -2 -3 -1 1 -4 -3 -2 11 2 -3</p> <p>Y -2 -2 -2 -3 -2 -1 -2 -3 2 -1 -1 -2 -1 3 -3 -2 -2 2 7 -1</p> <p>V 0 -3 -3 -3 -1 -2 -2 -3 -3 3 1 -2 1 -1 -2 -2 0 -3 -1 4</p> <p>Открытие промежутка – -8. Удлинение промежутка – -1.</p> <p>Какова стоимость выравнивания:</p> <p>AACDQRST</p> <p>A-CD-RST</p> <p>а) 13</p> <p>б) 16</p> <p>в) 17</p> <p>г) 21</p>	
ОПК5/ОПК 5.2	<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
ОПК5/ОПК 5.2	<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
ОПК5/ОПК 5.2	<p>19. ЧЕМУ РАВНО РЕДАКЦИОННОЕ РАССТОЯНИЕ МЕЖДУ ДВУМЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМИ АТАТАТАТАТ И ТАТАТАТАТА (ВЫБЕРИТЕ ОДИН ПРАВИЛЬНЫЙ ОТВЕТ):</p> <p>а) 2</p>	а

	б) 4 в) 6 г) 8	
ОПК5/ОПК 5.2	20. ЧЕМУ РАВНО РАССТОЯНИЕ ХЭММИНГА МЕЖДУ ДВУМЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМИ АТАТАТАТ И ТАТАТАТА а) 2 б) 4 в) 6 г) 10	г
ОПК5/ОПК 5.3	21. ДАНО: ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ WATER И WINE. ПРАВИЛА ОЦЕНКИ (СКОРИНГА): МАТЧН – 5, МИСМАТЧН – -5, ВСТАВКА ПРОМЕЖУТКА (GAP INSERTION) – - 1. ПОСТРОЙТЕ ПРАВИЛЬНОЕ ВЫРАВНИВАНИЕ И ОПРЕДЕЛИТЕ ЕГО ОЦЕНКУ (СКОРИНГ): а) 10 б) -5 в) 0 г) -1	г
ОПК5/ОПК 5.3	22. НАЗОВИТЕ АЛГОРИТМЫ ОПТИМИЗАЦИИ СКОРОСТИ ПОИСКА ЛУЧШЕГО ВЫРАВНИВАНИЯ: а) MEGA б) FASTA в) RAUP г) SCOP2	б
ОПК5/ОПК 5.3	23. БИОИНФОРМАТИКУ МОЖНО ОПРЕДЕЛИТЬ КАК: а) информация о биологических объектах б) вычислительная молекулярная биология в) создание биологических компьютеров г) разработка искусственного интеллекта	г
ОПК5/ОПК 5.3	24. ПОИСК ГОМОЛОГИЧНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ОСУЩЕСТВЛЯЕТ ПРОГРАММА: а) BLAST б) MegAlign в) EditSec г) Protean	г
ПК1/ПК1.1	25. МНОЖЕСТВЕННОЕ ВЫРАВНИВАНИЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДНК ОСУЩЕСТВЛЯЕТ ПРОГРАММА: а) BLAST б) MegAlign в) EditSec г) Protean	г
ПК1/ПК1.1	26. ИНФОРМАЦИЯ, КОТОРАЯ НЕ ЗАВИСИТ ОТ	в

	<p>ЛИЧНОГО МНЕНИЯ ИЛИ СУЖДЕНИЯ, НАЗЫВАЕТСЯ:</p> <p>а) достоверной б) актуальной в) объективной г) полезной</p>	
ПК1/ПК1.1	<p>27. ИНФОРМАЦИЯ, КОТОРАЯ ОТРАЖАЕТ ИСТИННОЕ ПОЛОЖЕНИЕ ДЕЛ, НАЗЫВАЕТСЯ:</p> <p>а) понятной б) достоверной в) объективной г) полной</p>	г
ПК1/ПК1.2	<p>28. ИНФОРМАЦИЯ, ОБЪЕМ КОТОРОЙ ДОСТАТОЧЕН ДЛЯ РЕШЕНИЯ ПОСТАВЛЕННОЙ ЗАДАЧИ, НАЗЫВАЕТСЯ:</p> <p>а) полезной б) актуальной в) полной г) достоверной</p>	г
ПК1/ПК1.2	<p>29. ЗАПИСНУЮ КНИЖКУ ИСПОЛЬЗУЮТ С ЦЕЛЬЮ:</p> <p>а) передачи информации б) хранения, обработки и передачи информации в) обработки информации г) хранения информации</p>	б
ПК1/ПК1.2	<p>30. ПЕРВЫМ СРЕДСТВОМ ПЕРЕДАЧИ ИНФОРМАЦИИ НА БОЛЬШИЕ РАССТОЯНИЯ ПРИНЯТО СЧИТАТЬ:</p> <p>а) радиосвязь б) электрический телеграф в) телефон г) компьютерные сети</p>	в
ПК1/ПК1.3	<p>31. ОБЕСПЕЧЕНИЕ ЗАЩИТЫ ИНФОРМАЦИИ НЕ ПРОВОДИТСЯ КОНСТРУКТОРАМИ И РАЗРАБОТЧИКАМИ ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ В СЛЕДУЮЩИХ НАПРАВЛЕНИЯХ:</p> <p>а) защита от сбоев работы оборудования б) защита от случайной потери информации в) защита от преднамеренного искажения г) разработка правовой базы для борьбы с преступлениями в сфере информационных технологий</p>	б
ПК1/ПК1.3	<p>32. ЧТО НЕ ОТНОСИТСЯ К ОБЪЕКТАМ ИНФОРМАЦИОННОЙ БЕЗОПАСНОСТИ РК?</p> <p>а) природные и энергетические ресурсы б) информационные ресурсы всех видов в) информационные системы различного класса и назначения, информационные технологии г) система формирования общественного</p>	г

	сознания	
ПК1/ПК1.3	<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 б) нет, так как нормативноправовые акты не являются объектом авторского права в) нет, если есть разрешение владельца сайта г) да, нарушено авторское право автора документа</p>	г
ПК1/ПК1.5	<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 б) адрес сайта и имя его владельца в) имя автора и название статьи г) электронный адрес сайта, с которого заимствована статья</p>	г
ПК1/ПК1.5	<p>35. ПЕРСОНАЛЬНЫМИ СТАЛИ КОМПЬЮТЕРЫ СЛЕДУЮЩЕГО ПОКОЛЕНИЯ ЭВМ:</p> <p>а) первого б) второго в) третьего г) четвертого</p>	г
ПК1/ПК1.5	<p>36. УСТРОЙСТВО, ВЫПОЛНЯЮЩЕЕ ВСЕ АРИФМЕТИЧЕСКИЕ И ЛОГИЧЕСКИЕ ОПЕРАЦИИ И УПРАВЛЯЮЩЕЕ ДРУГИМИ УСТРОЙСТВАМИ КОМПЬЮТЕРА, НАЗЫВАЕТСЯ:</p> <p>а) контроллером б) процессором в) клавиатурой г) монитором</p>	г
ПК2/ПК2.1	<p>37. ОСОБЕННОСТЬЮ АЛГОРИТМА FASTA ДЛЯ УСКОРЕНИЯ ПОИСКА ЛУЧШЕГО ВЫРАВНИВАНИЯ ЯВЛЯЕТСЯ</p> <p>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</p>	г

	обнаружены	
ПК2/ПК2.1	<p>38. ДИНАМИЧЕСКОЕ ПРОГРАММИРОВАНИЕ ИСПОЛЬЗУЕТСЯ ПРИ ВЫРАВНИВАНИИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ:</p> <p>а) Это синоним спортивного программирования на время, наподобие олимпиад АСМ-IBM</p> <p>б) Метод разбиения задачи на подзадачи, однократного их решения и затем использования накопленной «коллекции» ответов для нахождения решения исходной задачи</p> <p>в) Метод использования законов молекулярной динамики при работе с большими данными</p> <p>г) Метод, используемый в программной реализации расчета динамики жидкостей и газов</p>	б
ПК2/ПК2.1	<p>39. ШТРАФЫ ЗА ВСТАВКУ ПРОМЕЖУТКА БЫВАЮТ:</p> <p>а) Равномерные</p> <p>б) Основанные на биологической природе выравниваемых молекул (ДНК или белок)</p> <p>в) Ступенчатые</p> <p>г) Аффинные</p>	г
ПК2/ПК2.2	<p>40. АФФИННЫЙ ШТРАФ – ЭТО (I – ШТРАФ):</p> <p>а) Открытие промежутка – i, продление промежутка – $i/10$</p> <p>б) Открытие промежутка – i, продление промежутка – $i/2$</p> <p>в) Открытие промежутка – i, продление промежутка – $2*i$</p> <p>г) Открытие промежутка – i, продление промежутка – столько же</p>	а
ПК2/ПК2.2	<p>41. ЛИНЕЙНЫЙ ШТРАФ – ЭТО (I – ШТРАФ. N – КОЛИЧЕСТВО ВСТАВЛЯЕМЫХ ГЭПОВ.</p> <p>а) Открытие промежутка – i, продление промежутка – i/n</p> <p>б) Открытие промежутка – i, продление промежутка – $i/2n$</p> <p>в) Открытие промежутка – i, продление промежутка – $n*i$</p> <p>г) Открытие промежутка – i, продление промежутка – n</p>	в
ПК2/ПК2.2	<p>42. ПРОФИЛЬ – ЭТО:</p> <p>а) Матрица частот встречаемости символов в столбцах MSA</p> <p>б) Матрица частот встречаемости символов в столбцах парного выравнивания</p> <p>в) Строка из наиболее часто встречаемых символов в столбцах MSA</p> <p>г) Строка из однобуквенного обозначения аминокислот, соответствующих входной последовательности ДНК</p>	а

ПК2/ПК2.3	<p>43. КОНСЕНСУС – ЭТО:</p> <p>а) Строка, объединяющая sense- и antisense последовательности ДНК в одну длинную последовательность</p> <p>б) Матрица попарных расстояний между последовательностями в MSA</p> <p>в) Строка из наиболее часто встречаемых символов в столбцах MSA</p> <p>г) Метрика структурной схожести двух и более молекул белков</p>	B
ПК2/ПК2.3	<p>44. E -VALUE выравнивания - это:</p> <p>а) Вероятность найти последовательность для выравнивания с таким же или лучшим весом</p> <p>б) Количество выравниваний случайных последовательностей из базы данных с имеющейся оценкой MSA (score, S) или более высокой</p> <p>в) Мера отличия оценки наблюдаемого выравнивания от средней оценки для данной выборки последовательностей</p> <p>г) Вероятность случайного совпадений символов в столбцах MSA</p>	б
ПК2/ПК2.3	<p>45. P-VALUE ВЫРАВНИВАНИЯ - ЭТО:</p> <p>а) Вероятность найти последовательность для выравнивания с таким же или лучшим весом</p> <p>б) Количество выравниваний случайных последовательностей из базы данных с имеющейся оценкой MSA (score, S) или более высокой</p> <p>в) Мера отличия оценки наблюдаемого выравнивания от средней оценки для данной выборки последовательностей</p> <p>г) Вероятность случайного совпадений символов в столбцах MSA</p>	a
ПК2/ПК2.4	<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</p>	б

	б) 11 в) 17 г) 21																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
ПК2/ПК2.4	<p>47. ДАНА СЛЕДУЮЩАЯ МАТРИЦА АМИНОКИСЛОТНЫХ ЗАМЕН:</p> <table border="1" data-bbox="446 257 1165 795"> <thead> <tr> <th></th> <th>A</th> <th>R</th> <th>N</th> <th>D</th> <th>C</th> <th>Q</th> <th>E</th> <th>G</th> <th>H</th> <th>I</th> <th>L</th> <th>K</th> <th>M</th> <th>F</th> <th>P</th> <th>S</th> <th>T</th> </tr> </thead> <tbody> <tr><th>A</th><td>4</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-2</td><td>0</td><td>-1</td><td>-1</td><td>0</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-1</td><td>1</td><td>0</td><td>-</td></tr> <tr><th>R</th><td>-1</td><td>5</td><td>0</td><td>-2</td><td>-3</td><td>1</td><td>0</td><td>-2</td><td>0</td><td>-3</td><td>-2</td><td>2</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-1</td></tr> <tr><th>N</th><td>-2</td><td>0</td><td>6</td><td>1</td><td>-3</td><td>0</td><td>0</td><td>0</td><td>1</td><td>-3</td><td>-3</td><td>0</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-2</td><td>1</td><td>0</td></tr> <tr><th>D</th><td>-2</td><td>-2</td><td>1</td><td>6</td><td>-3</td><td>0</td><td>2</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-4</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-1</td><td>0</td><td>-1</td></tr> <tr><th>C</th><td>0</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-3</td><td>9</td><td>-3</td><td>-4</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-1</td></tr> <tr><th>Q</th><td>-1</td><td>1</td><td>0</td><td>0</td><td>-3</td><td>5</td><td>2</td><td>-2</td><td>0</td><td>-3</td><td>-2</td><td>1</td><td>0</td><td>-3</td><td>-1</td><td>0</td><td>-1</td></tr> <tr><th>E</th><td>-1</td><td>0</td><td>0</td><td>2</td><td>-4</td><td>2</td><td>5</td><td>-2</td><td>0</td><td>-3</td><td>-3</td><td>1</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-1</td><td>0</td><td>-1</td></tr> <tr><th>G</th><td>0</td><td>-2</td><td>0</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-2</td><td>6</td><td>-2</td><td>-4</td><td>-4</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-2</td><td>0</td><td>-2</td></tr> <tr><th>H</th><td>-2</td><td>0</td><td>1</td><td>-1</td><td>-3</td><td>0</td><td>0</td><td>-2</td><td>8</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-2</td></tr> <tr><th>I</th><td>-1</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-4</td><td>-3</td><td>4</td><td>2</td><td>-3</td><td>1</td><td>0</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-1</td></tr> <tr><th>L</th><td>-1</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-4</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-4</td><td>-3</td><td>2</td><td>4</td><td>-2</td><td>2</td><td>0</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-1</td></tr> <tr><th>K</th><td>-1</td><td>2</td><td>0</td><td>-1</td><td>-3</td><td>1</td><td>1</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-2</td><td>5</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-1</td><td>0</td><td>-1</td></tr> <tr><th>M</th><td>-1</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-1</td><td>0</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-2</td><td>1</td><td>2</td><td>-1</td><td>5</td><td>0</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-1</td></tr> <tr><th>F</th><td>-2</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-1</td><td>0</td><td>0</td><td>-3</td><td>0</td><td>6</td><td>-4</td><td>-2</td><td>-2</td></tr> <tr><th>P</th><td>-1</td><td>-2</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-4</td><td>7</td><td>-1</td><td>-1</td></tr> <tr><th>S</th><td>1</td><td>-1</td><td>1</td><td>0</td><td>-1</td><td>0</td><td>0</td><td>0</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-2</td><td>0</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-1</td><td>4</td><td>1</td></tr> <tr><th>T</th><td>0</td><td>-1</td><td>0</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-1</td><td>1</td><td>5</td></tr> <tr><th>W</th><td>-3</td><td>-3</td><td>-4</td><td>-4</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-1</td><td>1</td><td>-4</td><td>-3</td></tr> <tr><th>Y</th><td>-2</td><td>-2</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-3</td><td>2</td><td>-1</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-1</td><td>3</td><td>-3</td><td>-2</td><td>-2</td></tr> <tr><th>V</th><td>0</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-3</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-2</td><td>-3</td><td>-3</td><td>3</td><td>1</td><td>-2</td><td>1</td><td>-1</td><td>-2</td><td>-2</td><td>0</td></tr> </tbody> </table> <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>		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	-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	-3	-2	-2	-3	-2	-3	-2	-3	-1	1	-4	-3	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	б
	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	-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	-3	-2	-2	-3	-2	-3	-2	-3	-1	1	-4	-3																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
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																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
ПК2/ПК2.4	<p>48. ПО ИМЕЮЩИМСЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМ И МАТРИЦЕ ЗАМЕН У ВАС ПОЛУЧИЛАСЬ СЛЕДУЮЩАЯ «ТРАССИРОВКА» ВЫРАВНИВАНИЯ:</p> <table border="1" data-bbox="518 1355 1085 1937"> <tr> <td></td> <td>A</td> <td>C</td> <td>A</td> <td>C</td> <td>C</td> <td>T</td> <td>T</td> <td>A</td> </tr> <tr> <td>C</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>C</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>A</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>T</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>C</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>C</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>A</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> <tr> <td>A</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> </table> <p>Какое из выравниваний соответствует этой трассе (расставьте правильно гэпы) (выберите один правильный ответ):</p>		A	C	A	C	C	T	T	A	C									C									A									T									C									C									A									A									в																																																																																																																																																																																																																																																																																																									
	A	C	A	C	C	T	T	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
C																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
T																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
C																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
C																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												

	а) АСА_ССТТА ССАТССА_А б) А_АССТТ__А СС_А__ТССАА в) АСА_ССТТА ССАТСС_АА г) АСАССТТА ССАТСС_АА	
--	--	--

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Вопросы	Правильные ответы
<i>Дополните</i>		
ОПК4/ОП К4.1	49. Ксенологи – это...	гомологичные последовательности, возникшие при горизонтальном переносе генов
ОПК4/ОПК 4.1	50. Ортологи – это...	гомологичные последовательности, образовавшиеся в результате события видообразования
ОПК4/ОП К4.1	51. Паралоги – это...	гомологичные гены, образовавшиеся в результате события дупликации
ОПК4/ОП К4.1	52. Неультраметрическое филогенетическое дерево – это...	дерево, в котором встречаются как равные, так и неравные расстояния от корня до листьев
ОПК4/ОП К4.1	53. Гомологи – это...	последовательности и гомологичны если они произошли от одной общей для них последовательности
ОПК4/ОП К4.1	54. Тест может быть проведен на филогенетическом дереве, построенном по NJ алгоритму, чтобы высказать предположение о его корректности...	тест на аддитивность
ОПК4/ОП К4.1	55. Свойство аддитивности филогенетического дерева - ...	для любых четырех оту сумма любых двух расстояний равна и больше третьей суммы

ОПК4/ОП К4.1	56. Дана следующая строка: ((racoon, bear),((sea_lion,seal),((monkey,cat), weasel)),dog). Как называется этот формат записи и что он описывает?	формат newick. описывает топологию филогенетических деревьев
ОПК4/ОП К4.1	57. Таксон – это...	группа в классификации, состоящая из дискретных объектов, объединяемых на основании общих свойств и признаков
ОПК4/ОП К4.1	58. Корень филогенетического дерева – это...	общий предок для всех изучаемых последовательностей в филогенетическом дереве
ОПК4/ОП К4.1	59. Лист филогенетического дерева – это...	реальный современный объект. последовательность, соответствующая внешней вершине графа
ОПК4/ОП К4.1	60. Ветвь филогенетического дерева – это...	ребро графа филогенетического дерева
ОПК4/ОП К4.1	61. Операционная таксономическая единица (OTU) – это...	последовательность вида, располагающаяся в листе филогенетического дерева
ОПК4/ОП К4.2	62. Клада – это...	группа последовательностей (otu) и их общий предок
ОПК4/ОП К4.2	63. Гипотеза «молекулярных часов» утверждает, что...	количество значимых замен в одном гене в разных ветвях (видах) имеет линейную зависимость от времени
ОПК4/ОП К4.2	64. Молекулярная вычислительная филогенетика – это...	способ восстановления родственных связей, реконструирование

		эволюционных событий и построение филогенетических деревьев
ОПК4/ОП К4.2	65. Программное обеспечение для докинга и скоринга...	Glide, AutoDock, GOLD
ОПК4/ОП К4.2	66. Перечислите некоторые трудности молекулярного докинга...	выбор правильной функции оценки (скоринга), определение правильной структуры сайта связывания
ОПК4/ОП К4.2	67. Жёсткий докинг – это...	у исследуемых молекул длины ковалентных связей, планарные и торсионные углы не изменяются
ОПК4/ОП К4.2	68. Докинг – это...	метод молекулярного моделирования, целью которого является нахождение ориентации одной молекулы по отношению к другой при образовании комплекса
ОПК4/ОП К4.2	69. Нужно сравнить структуры двух белков по формуле стандартного отклонения (см. рисунок). N_{res} – количество аминокислот, r_i^a и r_i^b – векторы координат C_a атомов i -аминокислоты белка А и белка В соответственно. $\left(\frac{1}{N_{res}} \sum_{i=1}^{N_{res}} \bar{r}_i^a - \bar{r}_i^b ^2 \right)^{1/2}$ Какую процедуру нужно выполнить над структурами белков прежде, чем применять эту формулу для их сравнения?	процедуру структурного выравнивания
ОПК4/ОП К4.2	70. Авторы алгоритма парного глобального выравнивания...	С. Нидлман, К. Вунш
ОПК4/ОП К4.2	71. Матрицы сравнения последовательностей BLOSUM...	аббревиатура от Block Substitution Matrix
ОПК4/ОП К4.2	72. Примеры локального выравнивания....	поиск сигналов, поиск

		консервативных участков, активных сайтов, сравнение двух дистантных в эволюционном плане последовательностей
ОПК4/ОП К4.2	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
ОПК4/ОП К4.3	74. Укажите ПО\сервисы, входящие в состав BLAST на NCBI.	Blastn и blastp, Psi-blast, Blastx и tblastx, Tblastn
ОПК4/ОП К4.3	75. Метод GOR и Chou-Fasman применяются для...	Предсказания вторичных структур по последовательности и белка
ОПК4/ОП К4.3	76. Какой тип представления следует выбрать в любой программе для визуализации белков, чтобы увидеть и проанализировать элементы вторичной структуры?	Ribbons, Cartoons
ОПК4/ОП К4.3	77. Нужно построить множественное выравнивание для n последовательностей. Сколько парных выравниваний нужно построить для этого?	$n*(n-1)/2$
ОПК4/ОП К4.3	78. Вторичные структуры белков...	повороты, альфа-спирали, бета-листы
ОПК4/ОП К4.3	79. Третичная структура – это...	пространственное строение (включая конформацию) всей молекулы белка или другой макромолекулы
ОПК4/ОП К4.3	80. Фолдинг белка - ...	Физический процесс спонтанного сворачивания полипептидной цепи в нативную пространственную структуру
ОПК4/ОП	81. Какие существуют методы	Ab-initio метод.

К4.3	предсказания третичной структуры белка?	Распознавание фолда. Моделирование по гомологии.
ОПК4/ОП К4.3	82. Качественное моделирование структуры белка по гомологии невозможно без...	Наличия в 3D структуре элементов вторичной структуры в достаточном количестве
ОПК4/ОП К4.3	83. Моделирование структуры белка по гомологии – назовите известные методы или сервисы...	Phyre2. Swiss-Model
ОПК4/ОП К4.3	84. Распознавание фолда (threading) применяется для...	Предсказание третичной структуры белка при невысокой идентичности последовательностей
ОПК4/ОП К4.3	85. Моделирование структуры белка при помощи распознавания фолда – назовите известные методы или сервисы...	RaptorX. I-Tasser. NNPreD.
ОПК4/ОП К4.3	86. База данных Pfam – это...	База данных семейств белков
ОПК4/ОП К4.3	87. База данных SCOP и SCOP2 – это...	Структурная классификация белков
ОПК5/ОПК5.1	88. CATN – это...	Структурная классификация доменов белков
ОПК5/ОП К5.1	89. Назовите методы экспериментального определения структуры белка.	Рентгеноструктурный анализ. Ядерно-магнитный резонанс. Электронная микроскопия.
ОПК5/ОП К5.1	90. Свойства подхода UPGMA.	Базируется на гипотезе о верности «молекулярных часов». Расстояние всех OTU от корня одинаково.
ОПК5/ОП К5.1	91. Алгоритмы построения филогенетических деревьев.	UPGMA. Neighbor Joining. Алгоритм максимальной бережливости.

ОПК5/ОП К5.1	92. Свойства алгоритма Neighbor Joining	Строит неукоренённые филогенетические деревья. Не привязан к гипотезе «молекулярных часов».
ОПК5/ОП К5.1	93. Свойства алгоритма максимальной бережливости (Maximum Parsimony)	строит филогенетическое дерево, объясняющее экспериментальные данные наименьшим числом эволюционных событий.
ОПК5/ОП К5.1	94. Гибкий докинг – это...	процедура докинга, которая допускает конформационные изменения молекул
ОПК5/ОП К5.1	95. Назовите методы/сервисы оценки качества полученной в результате эксперимента или моделирования структуры белка.	ProCheck. What_If. MolProbity
ОПК5/ОП К5.1	96. Методику переноса ДНК на нитроцеллюлозный фильтр разработал...	Саузерн
ОПК5/ОП К5.1	97. При полимеразной цепной реакции количество ДНК от цикла к циклу увеличивается...	в геометрической прогрессии
ОПК5/ОП К5.2	98. Поиск гомологичных последовательностей осуществляет программа...	BLAST
ОПК5/ОП К5.2	99. Алгоритм диагностики иммуноопосредованных заболеваний включает...	сбор анамнеза, клиническое обследование, общее лабораторно-инструментальное обследование, молекулярно-генетическое обследование
ОПК5/ОП К5.2	100. Гибридизация в тканевых срезах (in situ) – это гибридизация...	FISH
ОПК5/ОП К5.2	101. Истерн-блот – это...	детекция посттрансляционных модификаций белков
ОПК5/ОП К5.2	102. Метод Сэнгера – это...	дидезоксинуклеотидный (ферментативный)

		метод
ОПК5/ОП К5.2	103. Технологией секвенирования, успешно применяемой в рутинных клинических исследованиях МБТ в нескольких референтных лабораториях мира, является...	NGS
ОПК5/ОП К5.2	104. Группа методов диагностики наследственной патологии, которая позволяет выявить микроделеции и микродупликации, называется...	молекулярно-цитогенетические методы диагностики
ОПК5/ОП К5.2	105. Изменение числа хромосом в кариотипе является...	геномной мутацией
ОПК5/ОП К5.2	106. Капиллярный электрофорез используется при...	секвенировании по Сэнгеру
ОПК5/ОП К5.2	107. Ключевым отличием NGS от секвенирования по Сэнгеру является...	возможность одновременного секвенирования множества фрагментов ДНК
ОПК5/ОП К5.2	108. Метод диагностики FISH относится к группе...	молекулярно-цитогенетических методов
ОПК5/ОП К5.2	109. Молекулярно-генетический метод, основанный на использовании эндонуклеазы, называется...	полиморфизм длин рестриционных фрагментов
ОПК5/ОП К5.2	110. Для решения каких задач можно использовать алгоритм BLAST	для поиска гомологичных (похожих) последовательностей нуклеиновых кислот во всемирных базах данных
ОПК5/ОП К5.2	111. Какие прикладные задачи решает биоинформатика последовательностей	поиск похожих последовательностей нуклеотидов, сборка молекулы ДНК de novo из отдельных фрагментов
ОПК5/ОП К5.3	112. Секвенирование ДНК - это	общее название методов, которые позволяют определить последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК
ОПК5/ОП К5.3	113. Первое поколение секвенирования включает...	метод Максама-Гилберта, метод Сэнгера
ОПК5/ОП К5.3	114. Ключевым отличием NGS от секвенирования по Сэнгеру является...	возможность одновременного секвенирования

		множества фрагментов ДНК
ОПК5/ОП К5.3	115. Метод диагностики FISH относится к группе...	молекулярно-цитогенетических методов
ОПК5/ОП К5.3	116. Молекулярно-генетический метод, основанный на использовании эндонуклеазы, называется...	полиморфизм длин рестриционных фрагментов
ОПК5/ОП К5.3	117. На хроматограмме секвенирования по Сэнгеру последовательность цветных пиков отражает...	последовательность нуклеотидов во фрагменте ДНК
ОПК5/ОП К5.3	118. Оптимальная длина нуклеотидной последовательности, которую можно проанализировать методом секвенирования по Сэнгеру, должна быть...	не более 1000 нуклеотидов
ОПК5/ОП К5.3	119. Однонуклеотидная замена, в результате которой измененный кодон начинает кодировать другую аминокислоту, называется....	миссенс-мутация
ОПК5/ОП К5.3	120. Особенностью метода мультиплексной ПЦР является...	применение нескольких пар праймеров
ОПК5/ОП К5.3	121. Причиной обрыва синтеза цепи в методе секвенирования по Сэнгеру является...	включение в цепь дидезоксинуклеотида
ОПК5/ОП К5.3	122. Разделение фрагментов ДНК при гель-электрофорезе происходит на основании...	разницы длин фрагментов
ОПК5/ОП К5.3	123. Синонимом метода Сэнгера является...	метод обрыва цепи
ОПК5/ОП К5.3	124. Субстратами для реакции пиросеквенирования являются...	АДФ-5'-сульфарилаза, люциферин
ПК1/ПК1.1	125. Секвенирования <i>de novo</i> — это...	расшифровка абсолютно неизвестных последовательностей ДНК
ПК1/ПК1.1	126. Эндонуклеазы рестрикции — это...	гидролазы, обеспечивающие гидролиз цепи ДНК в строго определенном месте
ПК1/ПК1.1	127. При присоединении нуклеотида к цепи ДНК выделяется...	пирофосфат
ПК1/ПК1.1	128. Преимущества пиросеквенирования...	быстрая детекция однонуклеотидных полиморфизмов
ПК1/ПК1.1	129. Полиморфизмы, не выраженные фенотипически, в лабораторной практике используют для...	идентификации личности
ПК1/ПК1.1	130. ddNTP — это...	нуклеотиды, обеспечивающие

		обрыв цепи
ПК1/ПК1.1	131. SNP-типирование — это анализ...	однонуклеотидных полиморфизмов
ПК1/ПК1.1	132. Длина фрагмента ДНК, который амплифицируется для реакции пиросеквенирования...	100-300
ПК1/ПК1.1	133. Области применения секвенирования...	snr-типирование, генетическая диагностика различных заболеваний, секвенирования denovo
ПК1/ПК1.2	134. Преимуществом секвенирования следующего поколения перед секвенированием по Сенгеру является...	высокая производительность
ПК1/ПК1.2	135. Разновидности методик секвенирования следующего поколения...	пиросеквенирование, секвенирование путем лигирования, секвенирование путем синтеза
ПК1/ПК1.2	136. Второе поколение секвенирования включает технологии...	пиросеквенирование, полупроводниковое секвенирование, секвенирование на молекулярных кластерах, циклическое лигазное секвенирование
ПК1/ПК1.2	137. Какие задачи помогает решать структурная биоинформатика?	предсказание третичной и четвертичной структуры белков на основании изучения их первичной структуры
ПК1/ПК1.2	138. Используя современные методы секвенирования ДНК (Next generation sequencing) насколько максимально быстро можно определить почти полный геном человека?	За несколько дней
ПК1/ПК1.2	139. Биоинформатика последовательностей включает в себя...	анализ последовательностей оснований или символов в нуклетновых

		кислотах (ДНК и РНК) или в белках
ПК1/ПК1.2	140. Какие задачи помогает решать молекулярная филогенетика?	установление родственных связей между живыми организмами на основании изучения первичной структуры ДНК
ПК1/ПК1.2	141. Геномная биоинформатика включает в себя...	разработку методов компьютерного анализа в сравнительной геномике, т.е. применительно целых геномов организмов
ПК1/ПК1.2	142. Функциональная аннотация последовательностей ДНК предполагает решение следующих задач:	поиск кодирующей или регуляторной частей гена, мест связывания с полимеразой или с другими белками
ПК1/ПК1.3	143. Структурная биоинформатика включает в себя:	изучение пространственной организации макромолекул (ДНК, РНК, белки)
ПК1/ПК1.3	144. При выделении ДНК методом фенольно-хлороформной экстракции на стадии добавления раствора фенола ДНК содержится...	в водной фазе
ПК1/ПК1.3	145. Промывание ДНК после преципитации (осаждения) медузы ДНК осуществляется с помощью...	70% этилового спирта
ПК1/ПК1.3	146. Используя метод выделения ДНК методом фенольно-хлороформной экстракции можно добиться...	получение ДНК хорошего качества и высокой концентрации
ПК1/ПК1.3	147. Главным недостатком фенольно-хлороформного метода выделения ДНК является...	высокая токсичность, занимает много времени
ПК1/ПК1.3	148. Праймеры – это...	короткие синтетические олигонуклеотиды 18-25 оснований, каждый из праймеров комплементарен одной из цепей

		двухпочечной матрицы и ограничивает начало и конец амплифицируемого участка
ПК1/ПК1.3	149. Температура в ПЦР специфична для каждого локуса и зависит от структуры праймеров от...	отжига праймеров
ПК1/ПК1.3	150. Прибор, обеспечивающий периодическое охлаждение и нагревание пробирок, обычно с точностью не менее 0,1 °С, называется...	амплификатор
ПК1/ПК1.3	151. При проведении real-time ПЦР накопление флуоресцентного сигнала...	прямо пропорционально накоплению фрагментов ДНК
ПК1/ПК1.3	152. Величина обозначает C_t или C_q ...	пороговый цикл – величина цикла амплификации, на котором флуоресценция, связанная с накоплением продукта ДНК, превысила значение фоновой флуоресценции
ПК1/ПК1.5	153. В основе технологии TaqMan лежит...	эффект гашения флуоресценции
ПК1/ПК1.5	154. В основе технологии real-time ПЦР с использованием красителя Syber Green лежит...	способность интеркалирующих красителей к флуоресценции в результате присоединения к ДНК
ПК1/ПК1.5	155. HRM-анализ ...	это метод, используемый после проведения ПЦР для установления различий в нуклеотидных последовательностях на основании разницы температур плавления ДНК
ПК1/ПК1.5	156. При выделении РНК используется тризол, так как он...	во время гомогенизации ткани одновременно поддерживает

		целостность РНК и способствует разрушению клеток и их компонентов
ПК1/ПК1.5	157. При NGS секвенировании по технологии Illumina используется...	стыковочная (мостиковая) амплификация
ПК1/ПК1.5	158. Принцип метода DLPLC заключается в том, что...	двухцепочечная молекула ДНК, имеющая даже единичное ошибочное спаривание оснований
ПК1/ПК1.5	159. При выделении ДНК методом фенольно-хлороформной экстракции на стадии добавления раствора фенола ДНК содержится...	в водной фазе
ПК1/ПК1.5	160. Алгоритм — это:	понятное и точное предписание исполнителю совершить последовательность действий, направленных на решение поставленной задачи или цели
ПК1/ПК1.5	161. Разветвляющийся алгоритм — это:	многократное исполнение одних и тех же действий
ПК1/ПК1.5	162. Какое из перечисленных значений может быть только целым?	среднее значение трех чисел
ПК2/ПК2.1	163. Что такое протокол сети?	сетевая программа
ПК2/ПК2.1	164. Информационным процессом является:	процесс расследования преступления
ПК2/ПК2.1	165. В системе «человек — телевизор» носителем информации являются:	гравитационное поле
ПК2/ПК2.1	166. Не является процессом обработки информации:	тиражирование печатной продукции
ПК2/ПК2.1	167. Информационная система - это	совокупность методов индустриализации получения и обработки информации

ПК2/ПК2.1	168. Диаграмма – это:	карта местности
ПК2/ПК2.1	169. Информатика опирается на:	естественные науки
ПК2/ПК2.1	170. Инсерция участка ДНК...	вставка фрагмента ДНК в геном
ПК2/ПК2.1	171. Делеция участка ДНК — это...	потеря участка ДНК в геноме
ПК2/ПК2.1	172. Процесс удвоения ДНК называется...	репликация
ПК2/ПК2.2	173. Методы, позволяющие оценить экспрессию белка...	вестерн-блоттинг, иммуногистохимический анализ
ПК2/ПК2.2	174. Кроме экспрессии мРНК, маркерами могут являться...	длинные некодирующие РНК, микроРНК
ПК2/ПК2.2	175. Выделяют следующие типы ДНК-маркеров...	генетические, геномные
ПК2/ПК2.2	176. Запрещённым вариантом переноса информации является...	РНК – белок
ПК2/ПК2.2	177. Трансляция ДНК...	наблюдалась у прокариот
ПК2/ПК2.2	178. Фрагментами Оказаки синтезируется цепь...	ни одна
ПК2/ПК2.2	179. Для действия ДНК-полимеразы необходимо присутствие...	хеликазы
ПК2/ПК2.2	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
ПК2/ПК2.2	181. Второй уровень спирализации молекулы ДНК в хромосоме эукариот...	нуклеосомма
ПК2/ПК2.2	182. В состав нуклеосомы входят следующие гистоны...	H1, H2A, H3 и H4
ПК2/ПК2.3	183. Каждая хромосома эукариот содержит...	2 молекулы ДНК
ПК2/ПК2.3	184. Мезельсон и сталь показали, что репликация ДНК проходит...	консервативно
ПК2/ПК2.3	185. Типы репликации у эукариот...	дисперсный
ПК2/ПК2.3	186. Генотип – это...	количество ДНК, находящейся в гаплоидном наборе хромосом
ПК2/ПК2.3	187. Запрещённым вариантом переноса информации является...	ДНК – РНК
ПК2/ПК2.3	188. Запрещённым вариантом переноса информации является...	белок – белок
ПК2/ПК2.3	189. Репликация РНК осуществляется...	у ретровирусов
ПК2/ПК2.3	190. Образующиеся при репликации одноцепочечные фрагменты ДНК длиной 1000-2000 п.н. – это...	фрагменты Оказаки

ПК2/ПК2.3	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
ПК2/ПК2.4	192. Механическое устройство, позволяющее складывать числа, изобрел	Д. Нейман
ПК2/ПК2.4	193. Для какой системы счисления были приспособлены первые семикосточковые счеты?	для семеричной
ПК2/ПК2.4	194. Какое устройство в России получило название «железный феликс»?	контторские счеты
ПК2/ПК2.4	195. В какие годы XX столетия появилась первая электронно-счетная машина?	в 40-е
ПК2/ПК2.4	196. В каком поколении машин ввод данных можно осуществлять с помощью речи?	в 5-м
ПК2/ПК2.4	197. Архитектура компьютера — это:	описание программного обеспечения для работы компьютера
ПК2/ПК2.4	198. Что такое микропроцессор?	устройство для вывода текстовой или графической информации
ПК2/ПК2.4	199. Подключение отдельных периферийных устройств компьютера к магистрали на физическом уровне возможно:	с помощью драйвера
ПК2/ПК2.4	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»
ОПК4/ОПК4.1	1. История возникновения биоинформатики как науки.
ОПК4/ОПК4.1	2. Современные взгляды на биоинформатику, ее возможности и перспективы.
ОПК4/ОПК4.1	3. Базовые направления биоинформатики: геномика и протеомика. Специфика работы с биологическими данными.
ОПК4/ОПК4.2	4. Методология использования подходов биоинформатики для решения фундаментальных и прикладных задач.
ОПК4/ОПК4.2	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.
ОПК4/ОПК4.2	6. Основные биоинформатические базы данных: NCBI (RefSeq, OMIM, Nucleotide, Gene, Protein, dbSNP, ClinVar); EMBL, UniProt, PDB, KEGG. Геномные браузеры (NCBI Map Viewer, UCSC).
ОПК4/ОПК4.2	7. Выравнивания последовательностей. Цели и типы выравниваний. Парное выравнивание. Fasta, BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Принципы выравнивания последовательностей.
ОПК4/ОПК4.3	8. Понятие гомологии. Ортологи и паралоги.
ОПК4/ОПК4.3	9. Расчёт оценки выравнивания (Score). Сходство последовательностей (идентичность, консервативность). Матрицы замен (PAM, BLOSUM).
ОПК4/ОПК4.3	10. Глобальное и локальное выравнивание. Оптимизация выравнивания. Методы парного выравнивания (алгоритмом Ниделмана-Вунша, динамическое программирование, алгоритм Смита-Уотермана).
ОПК5/ОПК5.1	11. BLAST (интерфейс, алгоритм). Инструмент для поиска удаленных эволюционных взаимоотношений PSI-BLAST. Множественные выравнивания. БД NCBI HomoloGene.
ОПК5/ОПК5.1	12. Алгоритмы и параметры множественного выравнивания. Программы для проведения множественного выравнивания решение задач множественного выравнивания с помощью программ ClustalW, Praline, Probcons, MUSCLE, Toffee.
ОПК5/ОПК5.1	13. Использование метода скрытых марковских моделей для множественного выравнивания последовательностей.

ОПК5/ОПК5.2	14. Домены и профили. Регулярные выражения. БД для поиска мотивов в белках PROSITE. БД по анализу белковых семейств PFAM.
ОПК5/ОПК5.2	15. Филогения и эволюционные деревья. Подходы к изучению филогенеза, видового разнообразия и эволюционных взаимоотношений на основе геномных и протеомных исследований.
ОПК5/ОПК5.2	16. Современные принципы биологической таксономии.
ОПК5/ОПК5.3	17. Филогенетические модели и анализ данных. Сравнительный анализ геномов в филогенетических исследованиях.
ОПК5/ОПК5.3	18. Источники изменчивости генетической информации (делеции, дупликации, рекомбинации, инверсии, транслокации, перемещения мобильных генетических элементов горизонтальный перенос генетической информации, геномные мутации).
ОПК5/ОПК5.3	19. Транзиции и трансверсии.
ПК1/ПК1.1	20. Факторы эволюции генетических систем.
ПК1/ПК1.1	21. Генетическая и эпигенетическая наследственность.
ПК1/ПК1.1	22. Принципы определения филогенетического родства и эволюционных взаимоотношений.
ПК1/ПК1.2	23. Концепция молекулярных часов. Филогенетические деревья. Алгоритмы построения филогенетических деревьев. Топология деревьев.
ПК1/ПК1.2	24. MEGA – программа для филогенетического анализа последовательностей.
ПК1/ПК1.2	25. Структура белка (вторичная, третичная, четвертичная).
ПК1/ПК1.3	26. Методы получения трехмерной структуры белка. PDB. Структура PDB файла.
ПК1/ПК1.3	27. Базы данных трехмерных структур (CATH, Dali, SCOP, FSSP, NCBI Structure, NCBI CDD).
ПК1/ПК1.3	28. Инструменты для интерактивной визуализация белковых структур. Выявления сходных 3-мерных структур белков (NCBI VAST).
ПК1/ПК1.3	29. Изучение свойств белковых молекул при помощи программы PyMol.
ПК1/ПК1.5	30. Методы предсказания белковых структур по последовательностям аминокислот.
ПК1/ПК1.5	31. Моделирование трехмерной структуры белка методом гомологического моделирования в программе Modeller.
ПК1/ПК1.5	32. Современные принципы работы с целым геномом.
ПК2/ПК2.1	33. Важнейшие задачи поиска в секвенированном геноме. Нерешенные задачи и перспективы. Сборка геномов.
ПК2/ПК2.1	34. Инструменты для анализа качества результатов секвенирования. Инструменты для сборки и работы с геномом.
ПК2/ПК2.1	35. Микрочипы (microarrays) и анализ профилей экспрессии генов.
ПК2/ПК2.1	36. Технология RNASeq.
ПК2/ПК2.2	37. База данных NCBI UniGene, GEO (Gene Expression Omnibus) - базы данных по экспрессии генов.
ПК2/ПК2.2	38. БД EBI: Array Express и Expression Atlas.
ПК2/ПК2.2	39. Решение задач поиска достоверно гипер- и гипо-экспрессируемых генов.
ПК2/ПК2.2	40. Принципы нахождения координированных взаимоотношений между генами (генных сетей).
ПК2/ПК2.3	41. Использование языка R для обработки результатов транскриптомных данных.

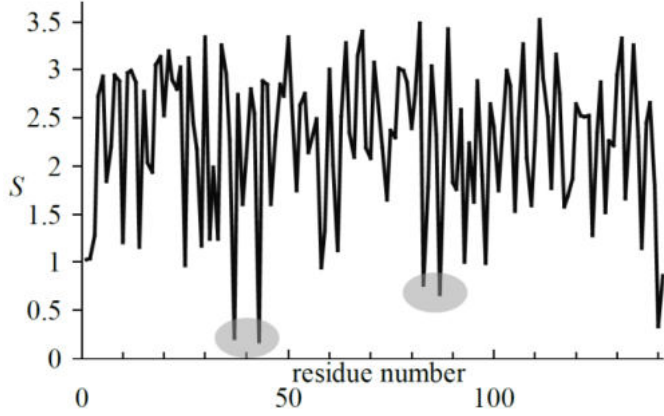
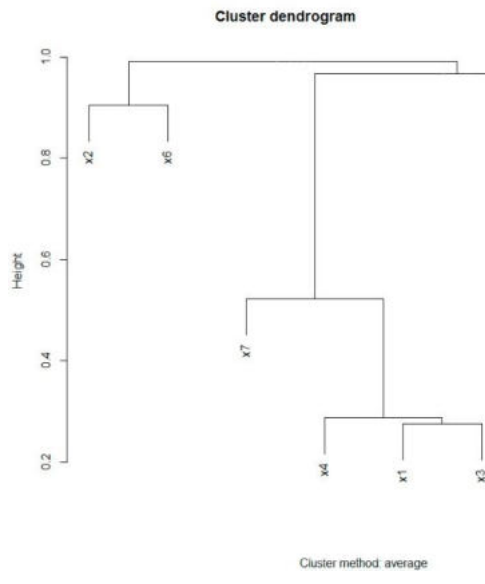
ПК2/ПК2.3	42. Предварительная обработка и нормализация данных. Диаграммы рассеяния.
ПК2/ПК2.3	43. Статистический анализ микроэррейных данных.
ПК2/ПК2.3	44. Статистический анализ RNASeq данных.
ПК2/ПК2.4	45. Построение тепловой карты изменения генной экспрессии.
ПК2/ПК2.4	46. Биоинформатика для протеомных исследований.
ПК2/ПК2.4	47. Вычисление массы и изоэлектрической точки белка.
ПК2/ПК2.4	48. Протеолитические пептиды.
ПК2/ПК2.4	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 /индикаторы достижения компетенции	Задачи
ОПК4/ОПК4.1	<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>Вариант №1 Вариант №2</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.
ОПК4/ОПК4.2	<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.
ОПК4/ОПК4.3	<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.
ОПК5/ОПК5.1	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.
ОПК5/ОПК5.2	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.
ОПК5/ОПК5.3	6. Есть выравнивание двух аминокислотных последовательностей с 20% идентичности. Как проверить достоверность выравнивания?
Ответ	Провести бутстрэп-тест и посчитать alignment score.
ПК1/ПК1.1	$score = \sum_{b \neq a} \sum_{a=1}^{N_{seq}} S_{a,b}$ <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.
ПК1/ПК1.2	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).
ПК1/ПК1.3	9. После построения MSA была подсчитана варибельность\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>ПК1/ПК1.5</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 (<40%) транзитивность в выравнивании может нарушаться.</p>
<p>ПК2/ПК2.1</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>ПК2/ПК2.2</p>	<p>12. Дано филогенетическое дерево. Какая строка описывает эту топологию?</p> 
<p>Ответ</p>	<p>((x2,x6),((x7,(x4,(x1,x3))),(x5,x8)))</p>
<p>ПК2/ПК2.3</p>	<p>13. Почему динамическое программирование (квадратический алгоритм, сложность L^n) используется для парного выравнивания и</p>

	практически 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).
ПК2/ПК2.4	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.