

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

УТВЕРЖДАЮ
Проректор по учебной работе
Д.А. Валишин



ОЦЕНОЧНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Геномика и протеомика

Разработчик	кафедра фундаментальной и прикладной микробиологии
Специальность/Направление подготовки	06.05.01 Биотехнология и биоинформатика
Наименование ООП	06.05.01 Биотехнология и биоинформатика
Квалификация	Биотехнолог 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 «Геномика и протеомика».

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

Паспорт оценочных материалов по дисциплине «Геномика и протеомика».

№	Наименование пункта	Значение
1.	Специальность/Направление подготовки	06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика
2.	Кафедра	Фундаментальной и прикладной микробиологии
3.	Автор-разработчик	Баймиев Андрей Ханифович
4.	Наименование дисциплины	Геномика и протеомика
5.	Общая трудоемкость по учебному плану	108 ч (3 ЗЕ)
6.	Наименование папки	Фонд оценочных средств по дисциплине «Геномика и протеомика»
7.	Количество заданий всего по дисциплине	140
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	30
15.	Задачи	7

В результате изучения дисциплины у обучающегося формируются следующие компетенции:

Наименование компетенции	Индикатор достижения компетенции
<p>ОПК-3. Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований</p>	<p>ОПК-3.1. Знать способы проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; использования физикохимических методов исследования макромолекул и математических методов обработки результатов биологических исследований.</p>
	<p>ОПК-3.2. Уметь проводить экспериментальную работу с организмами и клетками; использовать физикохимические методы исследования макромолекул; использовать математические методы обработки результатов биологических исследований.</p>
	<p>ОПК-3.3. Владеть способами проведения экспериментальной работы с организмами и клетками; физико-химическими методами исследования макромолекул; математическими методами обработки результатов биологических исследований.</p>
<p>ПК-1. Способен самостоятельно проводить теоретическую и экспериментальную научно-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>ПК-1.1. Изучать научно-техническую информацию, выполнять литературный и патентный поиск по темам исследования.</p>
	<p>ПК-1.2. Применять современные 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>

Задания

На закрытый вопрос рекомендованное время – 2 мин.

На открытое задание рекомендованное время – 4 мин.

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Тестовые вопросы	Правильные ответы
ОПКЗ/ОПК 3.1	<p>1. ВОЗНИКНОВЕНИЕ ГЕНОМИКИ КАК НАУЧНОЙ ДИСЦИПЛИНЫ СТАЛО ВОЗМОЖНЫМ ПОСЛЕ:</p> <p>а) установления структуры ДНК б) создания концепции гена в) дифференциации регуляторных и структурных участков гена г) полного секвенирования генома у ряда организмов</p>	г
ОПКЗ/ОПК 3.1	<p>2. СУЩЕСТВЕННОСТЬ ГЕНА У ПАТОГЕННОГО ОРГАНИЗМА - КОДИРУЕМЫЙ ГЕНОМ ПРОДУКТ НЕОБХОДИМ:</p> <p>а) для размножения клетки б) для поддержания жизнедеятельности в) для инвазии в ткани г) для инактивации антимикробного вещества</p>	б
ОПКЗ/ОПК 3.1	<p>3. ГЕНЫ HOUSE KEEPING У ПАТОГЕННОГО МИКРООРГАНИЗМА ЭКСПРЕССИРУЮТСЯ:</p> <p>а) в инфицированном организме хозяина б) всегда в) только на искусственных питательных средах г) под влиянием индукторов</p>	б
ОПКЗ/ОПК 3.1	<p>4. ПРОТЕОМИКА ХАРАКТЕРИЗУЕТ СОСТОЯНИЕ МИКРОБНОГО ПАТОГЕНА:</p> <p>а) по ферментативной активности б) по скорости роста в) по экспрессии отдельных белков г) по нахождению на конкретной стадии ростового цикла</p>	в
ОПКЗ/ОПК 3.2	<p>5. ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ ПРОТОПЛАСТОВ ИЗ КЛЕТОК ГРИБОВ ИСПОЛЬЗУЕТСЯ:</p> <p>а) лизоцим б) трипсин в) «улиточный фермент» г) пепсин</p>	а
ОПКЗ/ОПК 3.2	<p>6. ПРЕИМУЩЕСТВАМИ ГЕНО-ИНЖЕНЕРНОГО ИНСУЛИНА ЯВЛЯЮТСЯ:</p> <p>а) высокая активность б) меньшая аллергенность в) меньшая токсичность г) большая стабильность</p>	б

ОПК3/ОПК 3.2	7. ПРЕИМУЩЕСТВА ПОЛУЧЕНИЯ ВИДОСПЕЦИФИЧЕСКИХ ДЛЯ ЧЕЛОВЕКА БЕЛКОВ ПУТЕМ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОГО СИНТЕЗА: а) простота оборудования б) экономичность в) отсутствие дефицитного сырья г) снятие этических проблем	г
ОПК3/ОПК 3.2	8. ГЕН МАРКЕР, НЕОБХОДИМ В ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИНЖЕНЕРИИ: а) для включения вектора в клетки хозяина б) для отбора колоний, образуемых клетками, в которые проник вектор в) для включения «рабочего гена» в вектор г) для повышения стабильности вектора.	б
ОПК3/ОПК 3.3	9. ПОНЯТИЕ «ЛИПКИЕ КОНЦЫ» ПРИМЕНИТЕЛЬНО К ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИНЖЕНЕРИИ ОТРАЖАЕТ: а) комплементарность нуклеотидных последовательностей б) взаимодействие нуклеиновых кислот и гистонов в) реагирование друг с другом SH-групп с образованием дисульфидных связей г) гидрофобное взаимодействие липидов	а
ОПК3/ОПК 3.3	10. УСПЕХИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИНЖЕНЕРИИ В ОБЛАСТИ СОЗДАНИЯ РЕКОМБИНАНТНЫХ БЕЛКОВ БОЛЬШЕ, ЧЕМ В СОЗДАНИИ РЕКОМБИНАНТНЫХ АНТИБИОТИКОВ, ЧТО ОБЪЯСНЯЕТСЯ: а) более простой структурой белков б) трудностью подбора клеток хозяев для биосинтеза антибиотиков в) большим количеством структурных генов, включенных в биосинтез антибиотиков г) проблемами безопасности производственного процесса	в
ОПК3/ОПК 3.3	11. ЦЕЛЬ СЕКВЕНИРОВАНИЯ ГЕНОМА – УСТАНОВЛЕНИЕ: А) РАЗМЕРОВ ГЕНОМА б) последовательности нуклеотидов в) содержания А-Т г) соотношения А-Т/ГЦ пар нуклеотидов	б
ОПК3/ОПК 3.3	12. В КАЧЕСТВЕ ОСНОВНОГО МЕТОДА ПРОТЕОМИКИ ИСПОЛЬЗУЮТ: а) микроскопию б) газожидкостную хроматографию в) двухмерный электрофорез г) радиоизотопный	в
ПК1/ПК1.1	13. ГЕНЫ IVI ЭКСПРЕССИРУЮТСЯ: а) на искусственной бедной питательной среде б) на искусственной богатой питательной среде в) в условиях роста in vivo г) в условиях роста in vitro	в
ПК1/ПК1.1	14. НАПРАВЛЕНИЕ ГЕНОМИКИ, НЕПОСРЕДСТВЕННО СВЯЗАННОЕ С	в

	<p>ПРОТЕОМИКОЙ:</p> <p>а) структурная б) сравнительная в) функциональная г) формальная</p>	
ПК1/ПК1.1	<p>15. ПЛАЗМИДА – ЭТО:</p> <p>а) определенный штамм кишечной палочки, используемый для биотехнологических целей б) кольцеобразную молекулу ДНК - внехромосомный элемент генетической информации в) участок цепи РНК, несущий информацию о структуре гена г) вирус, размножающийся в цитоплазме микробной клетки д) хромосому, используемую в качестве вектора для введения ДНК в клетки бактерий</p>	б
ПК1/ПК1.2	<p>16. ОТБОР ТРАНСФОРМИРОВАННЫХ КЛЕТОК, СОДЕРЖАЩИХ РЕКОМБИНАНТНУЮ ДНК (ГИБРИДНУЮ ПЛАЗМИДУ) ПРОВОДЯТ:</p> <p>а) тестированием на резистентность к различной температуре б) тестированием на резистентность к определенным антибиотикам в) по способности окрашиваться гематоксилином г) по морфологическим признакам</p>	б
ПК1/ПК1.2	<p>17. ПРОЦЕСС ИЗГОТОВЛЕНИЯ ГЕННО-ИНЖЕНЕРНЫХ ПРЕПАРАТОВ ВКЛЮЧАЕТ:</p> <p>а) копирование гена человека, ответственного за синтез необходимого продукта б) модификацию генетического аппарата больного для увеличения биосинтеза необходимых продуктов в) внедрение микробной клетки с рекомбинантной ДНК в организм человека г) культивирование и выделение микробных клеток с рекомбинантными ДНК</p>	г
ПК1/ПК1.2	<p>18. ТРЕБОВАНИЯ К ВЕКТОРАМ ДНК:</p> <p>а) отсутствие сайта рестрикции, в который осуществлена вставка б) большой размер в) видоспецифичность г) наличие селективных генетических маркеров для идентификации реципиентных клеток, несущих рекомбинантную ДНК</p>	г
ПК1/ПК1.3	<p>19. ИНЖЕНЕРНАЯ ЭНЗИМОЛОГИЯ:</p> <p>а) метод, основанный на выделении и культивировании тканей и клеток высших организмов б) изменение первичной структуры ДНК в конкретном ее участке, что, в конечном счете, приводит к изменению фенотипа биологического объекта, используемого в биотехнологических процессах</p>	г

	<p>в) метод создания рекомбинантных или гибридных ДНК</p> <p>г) биотехнологические процессы с использованием каталитического действия ферментов, выделенных из состава биологических систем или находящихся внутри клеток, искусственно лишенных способности расти</p>	
ПК1/ПК1.3	<p>20. ИММОБИЛИЗАЦИЯ ЦЕЛЫХ КЛЕТОК ПРОДУЦЕНТОВ ЛЕКАРСТВЕННЫХ ВЕЩЕСТВ НЕРАЦИОНАЛЬНА В СЛУЧАЕ:</p> <p>а) высокой лабильности целевого продукта (лекарственного вещества)</p> <p>б) использования целевого продукта только в инъекционной форме</p> <p>в) внутриклеточной локализации целевого продукта</p> <p>г) высокой гидрофильности целевого продукта</p>	в
ПК1/ПК1.3	<p>21. ЗА ОБРАЗОВАНИЕМ ПРОТОПЛАСТОВ ИЗ МИКРОБНЫХ КЛЕТОК МОЖНО СЛЕДИТЬ С ПОМОЩЬЮ МЕТОДОВ:</p> <p>а) вискозиметрии</p> <p>б) колориметрии</p> <p>в) фазово-контрастной микроскопии</p> <p>г) электронной микроскопии</p>	в
ПК1/ПК1.3	<p>22. ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ ПРОТОПЛАСТОВ ИЗ БАКТЕРИАЛЬНЫХ КЛЕТОК ИСПОЛЬЗУЕТСЯ:</p> <p>а) лизоцим</p> <p>б) «улиточный фермент»</p> <p>в) трипсин</p> <p>г) папаин</p>	б
ПК1/ПК1.5	<p>23. ВЫСОКАЯ СТАБИЛЬНОСТЬ ПРОТОПЛАСТОВ ДОСТИГАЕТСЯ ПРИ ХРАНЕНИИ:</p> <p>а) на холоду</p> <p>б) в гипертонической среде;</p> <p>в) в среде с добавлением антиоксидантов</p> <p>г) в анаэробных условиях</p>	б
ПК1/ПК1.5	<p>24. МЕТОД ВВЕДЕНИЯ ЧУЖЕРОДНОЙ ДНК В КЛЕТКИ С ПОМОЩЬЮ ВЫСОКОВОЛЬТНОГО РАЗРЯДА НАЗЫВАЕТСЯ</p> <p>а) электрофорезом</p> <p>б) пульс-форезом</p> <p>в) электропорацией</p> <p>г) электрошоком</p>	в
ПК1/ПК1.5	<p>25. К МЕТОДАМ ПЕРВИЧНОГО СКРИНИНГА МУТАЦИЙ ОТНОСЯТСЯ</p> <p>а) Метод анализа конформационного полиморфизма однострессовой ДНК (SSCP)</p> <p>б) Аллель-специфическая ПЦР</p> <p>в) Полиморфизм длин рестрикционных фрагментов (RELP)</p> <p>г) ПЦР в реальном времени по технологии TaqMan</p>	а

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Вопросы	Правильные ответы
<i>Дополните</i>		
ОПК3/ОП К3.1	26. Объединение геномов клеток разных видов и родов возможно при соматической гибридизации...	только в искусственных условиях
ОПК3/ОПК 3.1	27. При проведении real-time ПЦР накопление флуоресцентного сигнала...	прямо пропорционально накоплению фрагментов ДНК
ОПК3/ОП К3.1	28. В основе технологии TaqMan лежит...	эффект гашения флуоресценции
ОПК3/ОП К3.1	29. В основе технологии real-time ПЦР с использованием красителя Syber Green лежит...	способность интеркалирующих красителей к флуоресценции в результате присоединения к ДНК
ОПК3/ОП К3.1	30. HRM-анализ ...	это метод, используемый после проведения ПЦР для установления различий в нуклеотидных последовательностях на основании разницы температур плавления ДНК
ОПК3/ОП К3.1	31. При NGS секвенировании по технологии Illumina используется...	стыковочная (мостиковая) амплификация
ОПК3/ОП К3.1	32. Принцип метода DLPLC заключается в том, что...	двухцепочечная молекула ДНК, имеющая даже единичное ошибочное спаривание оснований
ОПК3/ОП К3.1	33. При NGS секвенировании по полупроводниковому секвенированию используется...	Определение последовательности ДНК, основанное на обнаружении ионов водорода, которые выделяются во время полимеризации

		ДНК
ОПКЗ/ОП К3.1	34. Метод Конкурентной Аллель-Специфичной ПЦР (KASP) основан на...	Использование репортерной системы на основе FRET-кассет
ОПКЗ/ОП К3.1	35. Известные полиморфные варианты и мутации можно детектировать с помощью...	Рестрикционный анализ, аллельспецифичная ПЦР, мультиплексная ПЦР, ПЦР в реальном времени
ОПКЗ/ОП К3.1	36. Векторные молекулы должны...	иметь селективные маркеры
ОПКЗ/ОП К3.1	37. Метод введения чужеродной ДНК в клетки с помощью высоковольтного разряда называется...	электропорацией
ОПКЗ/ОП К3.1	38. Методику переноса ДНК на нитроцеллюлозный фильтр разработал...	Саузерн
ОПКЗ/ОП К3.2	39. При полимеразной цепной реакции количество ДНК от цикла к циклу увеличивается...	в геометрической прогрессии
ОПКЗ/ОП К3.2	40. Поиск гомологичных последовательностей осуществляет программа...	BLAST
ОПКЗ/ОП К3.2	41. Форма сплайсинга, при которой соединяются РНК разных транскриптов...	Транс сплайсинг
ОПКЗ/ОП К3.2	43. Гибридизация в тканевых срезах (in situ) – это гибридизация...	FISH
ОПКЗ/ОП К3.2	44. Истерн-блот – это...	детекция посттрансляционных модификаций белков
ОПКЗ/ОП К3.2	45. Метод Сэнгера – это...	дидезоксинуклеотидный (ферментативный) метод
ОПКЗ/ОП К3.2	46. Технологией секвенирования, успешно применяемой в рутинных клинических исследованиях МБТ в нескольких референтных лабораториях мира, является...	NGS
ОПКЗ/ОП К3.2	47. Первое поколение секвенирования включает...	метод Максама-Гилберта, метод Сэнгера
ОПКЗ/ОП К3.2	48. Ключевым отличием NGS от секвенирования по Сэнгеру является...	возможность одновременного секвенирования множества фрагментов ДНК
ОПКЗ/ОП	49. Метод диагностики FISH относится к	молекулярно-

К3.2	группе...	цитогенетических методов
ОПК3/ОП К3.2	50. Молекулярно-генетический метод, основанный на использовании эндонуклеазы, называется...	полиморфизм длин рестриционных фрагментов
ОПК3/ОП К3.2	51. На хроматограмме секвенирования по Сэнгеру последовательность цветных пиков отражает...	последовательность нуклеотидов во фрагменте ДНК
ОПК3/ОП К3.3	52. Оптимальная длина нуклеотидной последовательности, которую можно проанализировать методом секвенирования по Сэнгеру, должна быть...	не более 1000 нуклеотидов
ОПК3/ОП К3.3	53. Однонуклеотидная замена, в результате которой измененный кодон начинает кодировать другую аминокислоту, называется....	миссенс-мутация
ОПК3/ОП К3.3	54. Особенностью метода мультиплексной ПЦР является...	применение нескольких пар праймеров
ОПК3/ОП К3.3	55. Причиной обрыва синтеза цепи в методе секвенирования по Сэнгеру является...	включение в цепь дидезоксинуклеотида
ОПК3/ОП К3.3	56. Разделение фрагментов ДНК при гель-электрофорезе происходит на основании...	разницы длин фрагментов
ОПК3/ОП К3.3	57. Синонимом метода Сэнгера является...	метод обрыва цепи
ОПК3/ОП К3.3	58. Суть метода FISH состоит в...	обнаружение интересующих последовательностей ДНК с помощью зондов
ОПК3/ОП К3.3	59. Тандемные повторы с размером повторяющегося элемента от нескольких сотен до нескольких тысяч пар нуклеотидов называются...	сателлиты
ОПК3/ОП К3.3	60. Радиоактивную метку, включенную в молекулы ДНК, можно обнаружить с помощью...	секвенирования
ОПК3/ОП К3.3	61. Субстратами для реакции пиросеквенирования являются...	АДФ-5'-сульфарилаза, люциферин
ОПК3/ОП К3.3	62. Секвенирования de novo — это...	расшифровка абсолютно неизвестных последовательностей ДНК
ОПК3/ОП К3.3	63. Эндонуклеазы рестрикции — это...	гидролазы, обеспечивающие гидролиз цепи ДНК в строго определенном месте

ОПКЗ/ОП К3.3	64. При присоединении нуклеотида к цепи ДНК выделяется...	пирофосфат
ПК1/ПК1.1	65. Преимущества пиросеквенирования...	быстрая детекция однонуклеотидных полиморфизмов
ПК1/ПК1.1	66. Полиморфизмы, не выраженные фенотипически, в лабораторной практике используют для...	идентификации личности
ПК1/ПК1.1	67. Праймеры, которые используются для пиросеквенирования...	прямой и обратный биотинилированные
ПК1/ПК1.1	68. Люциферазо-опосредованная реакция заключается в...	окислении люциферина в оксилуциферин
ПК1/ПК1.1	69. Капиллярный электрофорез используется в...	секвенировании по Сенгеру
ПК1/ПК1.1	70. В полимеразной цепной реакции буфер обеспечивает...	стабильное значение pH
ПК1/ПК1.1	71. Инсерция участка ДНК...	вставка фрагмента ДНК в геном
ПК1/ПК1.1	72. Делеция участка ДНК — это...	потеря участка ДНК в геноме
ПК1/ПК1.1	73. ddNTP — это...	нуклеотиды, обеспечивающие обрыв цепи
ПК1/ПК1.1	74. SNP-типирование — это анализ...	однонуклеотидных полиморфизмов
ПК1/ПК1.2	75. АТФ-сульфарилаза необходима для...	получения АТФ из пирофосфата
ПК1/ПК1.2	76. Длина фрагмента ДНК, который амплифицируется для реакции пиросеквенирования...	100-300
ПК1/ПК1.2	77. Области применения секвенирования...	snp-типирование, генетическая диагностика различных заболеваний, секвенирования denovo
ПК1/ПК1.2	78. Преимуществом секвенирования следующего поколения перед секвенированием по Сенгеру является...	высокая производительность
ПК1/ПК1.2	79. Разновидности методик секвенирования следующего поколения...	пиросеквенирование, секвенирование путем лигирования, секвенирование путем синтеза
ПК1/ПК1.2	80. Процесс удвоения ДНК называется...	репликация
ПК1/ПК1.2	81. Методы, позволяющие оценить экспрессию белка...	вестерн-блоттинг, иммуногистохимия

		еский анализ
ПК1/ПК1.2	82. Кроме экспрессии мРНК, маркерами могут являться...	длинные некодирующие РНК, микроРНК
ПК1/ПК1.3	83. Выделяют следующие типы ДНК-маркеров...	генетические, геномные
ПК1/ПК1.3	84. Запрещённым вариантом переноса информации является...	РНК – белок
ПК1/ПК1.3	85. Трансляция ДНК...	наблюдалась у прокариот
ПК1/ПК1.3	86. Фрагментами Оказаки синтезируется цепь...	ни одна
ПК1/ПК1.3	87. Для действия ДНК-полимеразы необходимо присутствие...	хеликазы
ПК1/ПК1.3	88. 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
ПК1/ПК1.3	89. Второй уровень спирализации молекулы ДНК в хромосоме эукариот...	нуклеосомма
ПК1/ПК1.3	90. В состав нуклеосомы входят следующие гистоны...	H1, H2A, H3 и H4
ПК1/ПК1.3	91. Каждая хромосома эукариот содержит...	2 молекулы ДНК
ПК1/ПК1.5	92. Мезельсон и сталь показали, что репликация ДНК проходит...	консервативно
ПК1/ПК1.5	93. Типы репликации у эукариот...	дисперсный
ПК1/ПК1.5	94. Генотип – это...	количество ДНК, находящейся в гаплоидном наборе хромосом
ПК1/ПК1.5	95. Запрещённым вариантом переноса информации является...	ДНК – РНК
ПК1/ПК1.5	96. Запрещённым вариантом переноса информации является...	белок – белок
ПК1/ПК1.5	97. Репликация РНК осуществляется...	у ретровирусов
ПК1/ПК1.5	98. Образующиеся при репликации одноцепочечные фрагменты ДНК длиной 1000-2000 п.н. – это...	фрагменты Оказаки
ПК1/ПК1.5	99. 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
ПК1/ПК1.5	100. Электрофоретическую детекцию проводят с помощью...	агарозного геля

Вопросы для проверки теоретических знаний по дисциплине

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Вопросы к экзамену по дисциплине «Геномика и протеомика»
ОПК3/ОПК3.1	1. Поиск генов в секвенированных последовательностях. Локализация и границы генов, выявление экзонов и интронов, повторяющихся элементов генома, структурных элементов (промоторов, энхансеров, сайленсеров и др.).
ОПК3/ОПК3.1	2. Масс-спектрометрия.
ОПК3/ОПК3.1	3. Основные методы протеомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы.
ОПК3/ОПК3.1	4. Методы фагового дисплея, двугибридных систем и другие аффинные методы, применяемые для изучения белок-белковых взаимодействий.
ОПК3/ОПК3.2	5. Белковые чипы.
ОПК3/ОПК3.2	6. Техники ChIP-Chip и ChIP-Seq.
ОПК3/ОПК3.2	7. Применение техники для исследования ДНК-белковых взаимодействий <i>in vivo</i> .
ОПК3/ОПК3.2	8. Применение для идентификации сайтов связывания белков.
ОПК3/ОПК3.3	9. Вновь секвенированные последовательности нуклеотидов как набор контигов (contig - непрерывная последовательность), объединенных в скаффолды.
ОПК3/ОПК3.3	10. Скаффолд (scaffold) как последовательность контигов с оценкой расстояния между ними. Упорядочивание контигов в скэффолды по библиотекам с протяженными клонированными фрагментами ДНК.
ОПК3/ОПК3.3	11. Функциональная аннотация генов: а) по сходству, б) по ко-локализации, с) по филогенетическим образцам (phyletic patterns), d) по корегуляции. Выявление сходства и различия в организации геномов.
ОПК3/ОПК3.3	12. Основные инструменты: а) COGs и KOGs; Homologene и другие базы данных гомологов, б) String, с) SEED.
ПК1/ПК1.1	13. Филогенетическая классификация белков (Clusters of Orthologous Groups of proteins, COGs) как результат сравнения белковых последовательностей по полным геномам представителей важнейших филогенетических групп организмов.
ПК1/ПК1.1	14. Программа HomoloGene как инструмент базы данных National Center for Biotechnology Information (NCBI) для автоматической детекции гомологов. Алгоритм SEED.
ПК1/ПК1.1	15. Методы: а) сортировка перестановками (sorting by reversals) и построение филогенетических деревьев, б) полногеномные

	дубликации, с) пан-геномы. Гомология, деревья, эволюция.
ПК1/ПК1.1	16. Однонуклеотидный полиморфизм (Single nucleotide polymorphism) в геномах представителей одного вида или между гомологичными участками гомологичных хромосом индивида.
ПК1/ПК1.2	17. Спейсеры генов рибосомальной РНК как объекты SNP-анализа.
ПК1/ПК1.2	18. Секвенирование 16S РНК и других маркеров.
ПК1/ПК1.2	19. Тотальное секвенирование и функциональные интерпретации.
ПК1/ПК1.2	20. Вэб-ориентированный автоматизированный мета-анализ данных о сотнях транскриптов (или белков) в ходе одного эксперимента.
ПК1/ПК1.2	21. Картирование секвенированных фрагментов на геном. Фильтрация.
ПК1/ПК1.3	22. Оценка уровней экспрессии генов и уровней включения экзонов.
ПК1/ПК1.3	23. Основные методы транскриптомики: ДНК-микрочипы, количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени), РНК-интерференция, методы SAGE, ESI, дифференциального дисплея, RNAPol-ChIP.
ПК1/ПК1.3	24. Компьютерная обработка экспериментальных данных в транскриптомике.
ПК1/ПК1.3	25. Методы протеомных исследований: двумерный электрофорез, жидкостная хроматография (FPLC, HPLC), масс-спектрометрия (фингерпринтинг молекулярных масс пептидов и тандемная масс-спектрометрия).
ПК1/ПК1.3	26. Ограниченный протеолиз, белковый сплайсинг, образование дисульфидных связей.
ПК1/ПК1.5	27. Присоединение или отщепление небольших химических групп: гликозилирование, ацетилирование, метилирование, карбоксилирование, фосфорилирование. Присоединение других белков и пептидов: убиквитинилирование, сумоилирование.
ПК1/ПК1.5	28. «Протеом человека» – продолжение программы «Геном человека».
ПК1/ПК1.5	29. Сети и модели. Графовый подход. Свойства (природных) графов: а) диаметр, б) распределение степеней вершин, с) коэффициент кластеризации.
ПК1/ПК1.5	30. Исследование и моделирование свойств сложных биологических систем, которые нельзя объяснить суммой свойств ее составляющих.

Задания для проверки сформированных знаний, умений и навыков

На открытое задание рекомендованное время – 15 мин.

Компетенции /индикаторы достижения компетенции	Задачи
ОПК3/ОПК3.1	1. Ген состоит из 3 одинаковых смысловых (экзоны) и 4 одинаковых несмысловых (интроны) участков, причем интроны состоят из 120 нуклеотидов каждый, а весь ген имеет 1470 нуклеотидов. Сколько кодонов будет иметь про-мРНК, каждый экзон, мРНК и белок, закодированный в этом гене?
Ответ	про-мРНК содержит 490 кодонов, мРНК – 330 кодонов, экзон – 110 кодонов, белок – 330 аминокислот.
ОПК3/ОПК3.2	2. Известно, что определенный ген эукариотической клетки содержит 4 интрона (два по 24 нуклеотида и два по 36 нуклеотидов) и 3 экзона (два по 120 нуклеотидов и один 96 нуклеотидов). Определите: количество нуклеотидов в мРНК; количество кодонов в мРНК; количество аминокислот в полипептидной цепи; количество тРНК, участвующих в трансляции.
Ответ	Количество нуклеотидов в мРНК соответствует количеству нуклеотидов в экзонах = 336. Количество кодонов мРНК = $336/3=112$ Количество аминокислот = 111 количество тРНК, участвующих в трансляции = 112
ОПК3/ОПК3.3	3. Как изменится соотношение нуклеотидов в ДНК, копией которой является следующая мРНК – УУГГАЦГГУУА, если произошли следующие изменения: после 1-го триплета был вставлен тимин, после второго и третьего добавлен аденин.
Ответ	Соотношение нуклеотидов в исходной ДНК и мутированной изменилось с 1 до 1,99
ПК1/ПК1.1	4. Нуклеотиды в одном из генов располагаются в следующей последовательности: АААГААЦАЦ. Как изменится последовательность аминокислот в полипептидной цепочке, кодируемой данным участком гена, если в всех кодонах заменить первые нуклеотиды: в первом кодоне А на Г, во втором – Г на А, в третьем – Ц на Т?
Ответ	Пользуясь таблицей генетического кода, определим последовательность аминокислот в полипептиде, которая кодируется исходными кодонами: исходные кодонами: ААА ГАА ЦАЦ исходные аминокислоты: ФЕИ – ЛЕЙ – ВАЛ. Затем запишем последовательность новых кодонов и новых аминокислот: новые кодонами: ГАА ААА ТАЦ исходные аминокислоты: ЛЕЙ – ФЕИ – МЕТ Следовательно, замена

	первого нуклеотида в каждом кодоне изменяет их смысловую функцию – образуется другой белок, что ведет к новым признакам у организма.
ПК1/ПК1.2	5. Исследования показали, что нуклеотидный состав мРНК следующий: 30% приходится на гуанин, 10% – на цитозин, 16% – на аденин и 44% – на урацил. Определите процентный состав по нуклеотидам той части ДНК, слепком которой является изученная мРНК.
Ответ	Если в иРНК процентный состав нуклеотидов: Г – 30%, Ц – 10%, А – 16%, У – 44%, то в ДНК он представлен следующим образом: Г и Ц – по 20%, А и Т – по 30%.
ПК1/ПК1.3	6. Известно, что расстояние между нуклеотидами в цепочках ДНК составляет 34×10^{-11} м. Какую длину имеет ген, определяющий белок, состоящий из 134 аминокислот?
Ответ	Длина данного гена равняется $\approx 1,36 \times 10^{-7}$ м
ПК1/ПК1.5	7. Известно, что расстояние между нуклеотидами в цепочках ДНК составляет 34×10^{-11} м. Какую длину имеет ген, определяющий гемоглобин, включающий 287 аминокислот?
Ответ	Если в молекуле гемоглобина 287 аминокислот, то длина цистрона, кодирующего гемоглобин, составляет $(861 - 1) \times 34 \times 10^{-11}$ м.

ШКАЛЫ И КРИТЕРИЙ ОЦЕНКИ РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ

ПО ДИСЦИПЛИНЕ «Геномика и протеомика»

Проведение экзамена по дисциплине «Геномика и протеомика» 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.