

Форма оценочного материала для промежуточной аттестации

Оценочные материалы для промежуточной аттестации по дисциплине

Основы биоинформатики

Код, направление подготовки	05.03.06 ЭКОЛОГИЯ И ПРИРОДОПОЛЬЗОВАНИЕ
Направленность (профиль)	ЭКОЛОГИЯ
Форма обучения	ОЧНАЯ
Кафедра-разработчик	ЭКОЛОГИИ И БИОФИЗИКИ
Выпускающая кафедра	ЭКОЛОГИИ И БИОФИЗИКИ

Проверяемая компетенция	Задание	Варианты ответов	Тип сложности вопроса	Кол-во баллов за правильный ответ
ПК-20	Классификация математических моделей базируется на:	1) динамике процесса 2) на базе данных 3) на аппарате для моделирования	Низкий (одиночный выбор)	2
ОПК-1	Методы системной биологии базируются на:	1) понятии динамики $x(t)$ 2) на понятии системы 3) на моделях	Низкий (одиночный выбор)	2
ОПК-1	Кинематика уравнения базируется на:	1) связи скорости процесса и переменных 2) на функции изменения $x(t)$ 3) на динамике роста $x(t)$	Низкий (одиночный выбор)	2
ПК-20	Простейшая динамическая модель это:	1) модель популяционного взрыва 2) Ферхюльста-Пирла 3) модель Галилея	Низкий (выбор пропущенных слов)	2
ПК-20	Модель Ферхюльста-Пирла позволяет:	1) описывать динамику роста 2) находить максимум скорости прироста $x(t)$ 3) находить асимптоты роста	Низкий (одиночный выбор)	2
ПК-20	Выберите несколько вариантов ответа. Основными задачами биоинформатики являются:	1) Создание методов обработки массовых экспериментов; 2) Создание молекул с заданными свойствами, новых лекарств; 3) Создание новых методов молекулярного моделирования; 4) Предсказание структуры белков по их	Высокий (множественный выбор)	8

		аминокислотным последовательностям; 5) Поиск сходства нуклеотидных или аминокислотных последовательностей; 6) Создание и поддержание баз данных, инструментов для работы с ними.		
ОПК-1	Выберите несколько вариантов ответа. В стабилизации третичной структуры принимают участие:	1) ковалентные связи; 2) ионные взаимодействия; 3) металлическая связь; 4) водородные связи; 5) гидрофобные взаимодействия	Высокий (множественный выбор)	8
ОПК-1	Рамка считывания - это один из трёх возможных путей считывания последовательности нуклеотидов ДНК или РНК как серии неперекрывающихся троек нуклеотидов в зависимости от того, на каком нуклеотиде началось считывание последовательности. Какое количество рамок считывания имеет последовательность G-T-A-C-A-G-G-T-T ?		Высокий (вычисляемый)	8
ОПК-1	Различия между двумя нуклеотидными последовательностями равной длины n позволяют оценить так называемое расстояние p , непосредственно через долю (частоту) несовпадений между ними ($p=n_d/n$, где n_d - это число различающихся нуклеотидов двух однотипных		Высокий (вычисляемый)	8

	<p>последовательно стей. Для оценки эволюционного расстояния между человеком и макакой реуз были использованы последовательно сти гена цитохрома b митохондриально й ДНК. Общее число сравненных нуклеотидов в гене: 375 кодонов. Выявлено, что суммарное число различий по первой позиции всех кодонов двух последовательно стей равно 58 (43 транзаций, 15 трансверсий и 317 идентичных пар). Оцените число замен на сайт отдельно для первой позиции кодонов с использованием расстояния p.</p>				
ПК-20	<p>Выберите несколько вариантов ответа. Доменная структура белка это:</p>	<p>1) субъединичная структура белка: взаимное расположение нескольких полипептидных цепей в составе единого белкового комплекса; 2) пространственное строение полипептидной цепи, то есть взаимное расположение элементов вторичной структуры, стабилизированное взаимодействием между боковыми цепями аминокислотных остатков; 3) последовательность участков белка, имеющих известную функцию; 4) участок белка, имеющий определенную трёхмерную структуру, который может встречаться в совершенно разных белках.</p>	<p>Высокий (множественный выбор)</p>	8	
ОПК-1	<p>Установите соответствие.</p>	<p>1) Модель Гаузе 2) Большинство математических моделей</p>	<p>1) модель в виде системы</p>	<p>Средний (на соответствие)</p>	5

		реальных экосистем представляет собой 3) В дискретной моделях	из нескольких уравнений; 2) модель, в которой наблюдения выполняются лишь через определенные интервалы времени; 3) модель неустойчивости двух видов во времени		
ПК-20	Впишите пропущенное слово. [...] – это сопоставление двух и более последовательностей для определения их уровня идентичности с учетом как замен, так и вставок/делеций.			Средний (выбор пропущенных слов)	5
ОПК-1	Среди статистических методов для построения филогенетического дерева по данным молекулярной генетики можно выделить:	1) методы, основанные на использовании информации из баз данных трехмерных структур белков; 2) методы парсимонии; 3) методы предсказания вторичной структуры РНК.		Средний (одиночный выбор)	5
ОПК-1	Одна из проблем биоинформатики состоит в выяснении происхождения гомологичных генов у близких видов. Для решения этой задачи: 1) определяют филогении событий дупликации;	1) 1, 2, 4; 2) 4, 3; 3) 1,2,3,4; 4) 5, 2, 3, 4.		Средний (всё или ничего)	5

	<p>2) выявляют схожести выполняемых функций;</p> <p>3) выявляют полиморфизм генов ныне существующих видов и их предков;</p> <p>4) оценивают длины ветвей филогенетического дерева по данным;</p> <p>5) используют аппроксимационные методы решения генетико-статистических задач.</p>			
ПК-20	<p>Имеется фрагмент нуклеотидной последовательности вида G, C, T, A. Каково число возможных разных комбинаций нуклеотидов?</p>		Средний (вычисляемый ответ)	5
ПК-20	<p>Впишите пропущенное слово. Гомологичные последовательности называют [...], если к их разделению привел процесс видообразования, т.е. копии гена у дочерних видов.</p>		Средний (выбор пропущенных слов)	5
ОПК-1	<p>Впишите пропущенное слово. Гомологичные последовательности называют [...], если к их разделению привело удвоение гена и ввиду отсутствия давления отбора на одну из копий гена, подвергшегося удвоению, эта копия получает возможность беспрепятственн</p>		Средний (выбор пропущенных слов)	5

	о мутировать далее.			
ПК-20	Впишите пропущенное слово. [...] – это различные формы одного и того же гена, расположенные в одинаковых участках гомологичных хромосом.		Средний (выбор пропущенных слов)	5
ПК-20	Впишите пропущенное слово. [...] – это местоположение определённого гена на генетической или цитогенетической карте хромосомы		Средний (выбор пропущенных слов)	5
ОПК-1	Впишите пропущенное слово. [...] – это процесс вырезания определённых нуклеотидных последовательностей из молекул РНК и соединения последовательностей, сохраняющихся в «зрелой» молекуле, в ходе процессинга РНК.		Средний (выбор пропущенных слов)	5

Ключ для диагностического тестирования по дисциплине:

Основы биоинформатики

<i>Вопрос</i>	<i>Ответ</i>
1	3
2	2
3	1
4	1
5	2
6	1, 3, 4, 5, 6
7	1, 3, 4, 5
8	3
9	0, 155

10	3, 4
11	1-3, 2-2, 3-1
12	выравнивание
13	2
14	3
15	24
16	ортологичными (ортологами)
17	паралогичными (паралоги)
18	аллели
19	локус
20	сплайсинг