

Документ подписан простой электронной подписью  
 Информация о владельце:  
 ФИО: Косенок Сергей Михайлович  
 Должность: ректор  
 Дата подписания: 21.06.2024 20:00:34  
 Уникальный программный ключ:  
 e3a68f3eaa1e62674b54f4998099d3d6bdfcf836

## 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                   |

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

|       |   |  |                               |   |
|-------|---|--|-------------------------------|---|
|       |   | аминокислотным последовательностям;<br>5) Поиск сходства нуклеотидных или аминокислотных последовательностей;<br>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;<br>2) ионные взаимодействия;<br>3) металлическая связь;<br>4) водородные связи;<br>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 |

|       |  |   |                               |                           |   |
|-------|--|---|-------------------------------|---------------------------|---|
|       | последовательно стей. Для оценки эволюционного расстояния между человеком и макакой резус 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 транзиций, 15 трансверсий и 317 идентичных пар). Оцените число замен на сайт отдельно для первой позиции кодонов с использованием расстояния p. |   |                               |                           |   |
| ПК-20 | Выберите несколько вариантов ответа. Доменная структура белка это:   | 1) субъединичная структура белка: взаимное расположение нескольких полипептидных цепей в составе единого белкового комплекса;<br>2) пространственное строение полипептидной цепи, то есть взаимное расположение элементов вторичной структуры, стабилизированное взаимодействием между боковыми цепями аминокислотных остатков;<br>3) последовательность участков белка, имеющих известную функцию;<br>4) участок белка, имеющий определенную трёхмерную структуру, который может встречаться в совершенно разных белках. | Высокий (множественный выбор) | 8                         |   |
| ОПК-1 | Установите соответствие.   | 1) Модель Гаузе<br>2) Большинство математических моделей  | 1) модель в виде системы      | Средний (на соответствие) | 5 |

|       |   |   |   |                                  |   |
|-------|---|---|---|----------------------------------|---|
|       |   | реальных экосистем представляет собой<br>3) В дискретной моделях  | из нескольких их уравнений;<br>2) модель, в которой наблюдения выполняются лишь через определенные интервалы времени;<br>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;<br>2) методы парсимонии;<br>3) методы предсказания вторичной структуры РНК. |   | Средний (одиочный 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;<br>2) 4, 3;<br>3) 1,2,3,4;<br>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<br>(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<br>(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<br>(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                  |