

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Приволжский исследовательский медицинский университет"  
Министерства здравоохранения Российской Федерации



УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе  
Е.С. Богомолова

« 25 » мая 2021 г.

## ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

по дисциплине **Биоинформатика и современные методы статистического анализа**

направление подготовки **06.04.01 Биология**

профиль **Нейробиология**

Квалификация выпускника:

**Магистр**

Форма обучения:

**очно-заочная**

Нижний Новгород  
2021

Фонд оценочных средств по дисциплине «Биоинформатика и современные методы статистического анализа» предназначен для контроля знаний по программе магистратуры по направлению подготовки 06.04.01 Биология», профилю «Нейробиология».

### 1. Паспорт фонда оценочных средств по дисциплине «Биоинформатика и современные методы статистического анализа»

Компетенция	Результаты обучения	Виды занятий	Оценочные средства
<b>УК-1</b>	Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий.		
	<b>ИД-1<sub>УК-1.1.</sub></b> Оценивает адекватность и достоверность информации о проблемной ситуации. <b>ИД-2<sub>УК-1.2.</sub></b> Выбирает методы критического анализа на основе системного подхода, адекватные проблемной ситуации. <b>ИД-3<sub>УК-1.3.</sub></b> Разрабатывает стратегию и обосновывает план действия по решению проблемной ситуации.	практическое занятие, самостоятельная работа	устно-письменный опрос; реферат; зачет
<b>ОПК-6</b>	Способен творчески применять и модифицировать современные компьютерные технологии, работать с профессиональными базами данных, профессионально оформлять и представлять результаты новых разработок		
	<b>ИД-1<sub>ОПК-6.1.</sub></b> Применяет современные компьютерные технологии для решения научных задач <b>ИД-2<sub>ОПК-6.2.</sub></b> Использует в научной работе специальные базы данных	практическое занятие, самостоятельная работа	устно-письменный опрос; реферат; зачет

Текущий контроль по дисциплине «Биоинформатика и современные методы статистического анализа» осуществляется в течение всего срока освоения данной дисциплины. Выбор оценочного средства для проведения текущего контроля на усмотрение преподавателя.

Промежуточная аттестация (зачет) обучающихся по дисциплине «Биоинформатика и современные методы статистического анализа» проводится по итогам обучения и является обязательной.

### 2. Критерии и шкала оценивания

Индикаторы компетенции	Критерии оценивания	
	Не зачтено	Зачтено
<b>Полнота знаний</b>	Уровень знаний ниже минимальных требований. Имели место грубые ошибки.	Уровень знаний в объеме, соответствующем программе подготовки. Могут быть допущены несущественные ошибки
<b>Наличие умений</b>	При решении стандартных задач не продемонстрированы основные умения. Имели место грубые ошибки.	Продемонстрированы основные умения. Решены типовые задачи, выполнены все задания. Могут быть допущены несущественные ошибки.

<b>Наличие навыков (владение опытом)</b>	При решении стандартных задач не продемонстрированы базовые навыки. Имели место грубые ошибки.	Продемонстрированы базовые навыки при решении стандартных задач. Могут быть допущены несущественные ошибки.
<b>Мотивация (личностное отношение)</b>	Учебная активность и мотивация слабо выражены, готовность решать поставленные задачи качественно отсутствуют	Проявляется учебная активность и мотивация, демонстрируется готовность выполнять поставленные задачи.
<b>Характеристика сформированности компетенции</b>	Компетенция в полной мере не сформирована. Имеющихся знаний, умений, навыков недостаточно для решения практических (профессиональных) задач. Требуется повторное обучение	Сформированность компетенции соответствует требованиям. Имеющихся знаний, умений, навыков и мотивации в целом достаточно для решения практических (профессиональных) задач.
<b>Уровень сформированности компетенций</b>	Низкий	Средний/высокий

### 3. Оценочные средства (полный перечень оценочных средств)

#### 3.1 Текущий контроль

Перечень вопросов:

3.1.1. *Контролируемый раздел дисциплины «Введение в биоинформатику. Использование биоинформатики в биологии и медицине.»*

Перечень вопросов:

1. Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. Основные инструменты.
2. Базы данных. Электронные библиотечные ресурсы. Биологическая классификация и номенклатура.
3. Интернет. HTML. Поисковые системы.
4. Изучение возможностей Excel (ввод данных, вычисления, формулы). Определение аминокислотного состава белков и предсказание их возможных свойств, функций, локализации.

Темы рефератов:

1. Основы биоинформатики.
2. Геном человека и современные постгеномные проекты.
3. Геномная биоинформатика
4. Использование биоинформатики в биологии и медицине.

3.1.2. *Контролируемый раздел дисциплины «Омные науки – основные понятия и методы».*

Перечень вопросов:

1. Геномика, основное представление, современные методы геномики: ПЦР, генотипирование, SNP, SAGE, NGS
2. Протеомика, основное представление, современные методы протеомики: 2D-PAGE электрофорез, вестерн-блоттинг, масс-спектрометрия
3. Метабомика как наука. Ее особенности и значение.
4. MetabolLights - хранилище данных для межвидовых и кросс-платформенных метаболомных исследований и база знаний о свойствах отдельных метаболитов.
5. Транскриптомика как наука, ее значение для современной медицины.
6. Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий.
7. Cytoscape - NetworkDataIntegration, Analysis, and Visualization in a Box – биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом.

Темы рефератов:

1. Симуляция и моделирование ДНК, расшифровка генома. Оценка биологического разнообразия экосистемы.
2. Омные науки - основные понятия и методы.

*3.1.3. Контролируемый раздел дисциплины «Белковые модификации и методы их изучения: молекулярные методы исследования.»*

Перечень вопросов:

1. Белковые модификации и методы их изучения.
2. Молекулярные методы исследования:  
Вестерн-блоттинг, электрофорез
3. Молекулярные методы исследования:  
методы иммунохимии, масс-спектрометрия
4. Хранилище общедоступных данных для протеомики – PRIDE.
5. ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков - Mascot (MatrixScience).

Темы рефератов:

1. Бластинг последовательностей нуклеиновых кислот и белков.
2. Конструирование праймеров для ПЦР.
3. Использование доменов для предсказания структуры и функций белков.
4. Методы предсказания 3D структуры белков.

*3.1.4. Контролируемый раздел дисциплины «Современные методы возможности предсказания и расчета структуры белка. Биологическая роль межбелковых и межмолекулярных взаимодействий».*

Перечень вопросов:

1. Возможности предсказания и расчета структуры белка. Современные методы.
2. Биологическая роль межбелковых и межмолекулярных взаимодействий.
3. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул.
4. Механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул. Банки белковых структур.

Темы рефератов:

1. Математическое моделирование в медицине и биологии.
2. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул.
3. Методы моделирования взаимодействий между макромолекулярными комплексами. Молекулярная графика.

*3.1.5. Контролируемый раздел дисциплины «Свободно доступные системы баз данных с открытым исходным кодом. Курируемая биологическая база данных».*

Перечень вопросов:

1. Свободно доступная система баз данных с открытым исходным кодом – InterAct.
2. База данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая - Reactome.
3. Курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий – BioGrid.

*3.1.6. Контролируемый раздел дисциплины «Фракталы и фрактальный анализ в медико-биологических исследованиях».*

Перечень вопросов:

1. Фракталы. Основы фрактальной геометрии. Фракталы в биологии и медицине
2. Фрактальная динамика. Теория сетей (Network Science).

Темы рефератов:

1. Фракталы. Медицинские приборы на основе фракталов.
2. Фрактальная структура кровеносной системы человека.

*3.1.7. Контролируемый раздел дисциплины «Теория перколяции в медико-биологических исследованиях».*

Перечень вопросов:

1. Перколяционные фазовые переходы. Динамическая перколяция.
2. Фрактальные свойства перколяционного кластера.
3. Перколяционные эффекты в нейрональных сетях.

Темы рефератов:

1. Перколяции в медико-биологических исследованиях.
2. Теория перколяции, как новый подход в управлении потоками данных в информационных сетях.

*3.1.8. Контролируемый раздел дисциплины «Современные программные средства, используемые при решении задач математического моделирования и анализа медико-биологической информации».*

Перечень вопросов:

1. Математическое моделирование – основные понятия. Типы математических моделей, используемые в медицине и биологии.
2. Программирование на языке «Python», практическое применение в научной деятельности.
3. Язык программирования «Python»: структура данных, базовые алгоритмические единицы, виды циклов, стандартные библиотеки. Применение «Python» в медико-биологических исследованиях.
4. Система математического моделирования и язык программирования MatLab.
5. Моделирование с помощью аппарата нейронных сетей в среде MatLab для оценки взаимосвязи целенаправленных систем. Основные операторы, принципы программирования.
6. Функция корреляционного анализа для исследования медицинских сигналов в пакете Matlab.
7. Методы обработки изображений с использованием пакета Matlab.

Темы рефератов:

1. Математическое моделирование в медицине и биологии.
2. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул. Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул.
3. Методы моделирования взаимодействий между макромолекулярными комплексами. Молекулярная графика.

*3.1.9. Контролируемый раздел дисциплины «Моделирование в протеомике».*

Перечень вопросов:

1. BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес.

## 3.2 Промежуточный контроль

*3.2.1. Контролируемый раздел дисциплины «Введение в биоинформатику. Использование биоинформатики в биологии и медицине.»*

Перечень вопросов:

1. Цели и задачи биоинформатики. Связь биоинформатики с другими естественными науками. Основные инструменты.
2. Базы данных. Электронные библиотечные ресурсы. Биологическая классификация и номенклатура.

*3.2.2. Контролируемый раздел дисциплины «Омные науки – основные понятия и методы».*

Перечень вопросов:

1. Современные методы геномики и протеомики.
2. Особенности и значение метаболомики.
3. Хранилище данных для межвидовых и кросс-платформенных метаболомных исследований. База знаний о свойствах отдельных метаболитов.
4. Значение транскриптомики для современной медицины.
5. Сигнальные пути и сети межмолекулярных взаимодействий.
6. Биоинформатическая платформа с открытым исходным кодом.

*3.2.3. Контролируемый раздел дисциплины «Белковые модификации и методы их изучения: молекулярные методы исследования.»*

Перечень вопросов:

1. Белковые модификации и методы их изучения.
2. Молекулярные методы исследования: вестерн-блоттинг, электрофорез
3. Основные характеристики методы иммунохимии.
4. Основные характеристики масс-спектрометрия.
5. Хранилище общедоступных данных для протеомики – PRIDE.
6. ПО для идентификации, характеристики и количественного определения белков - Mascot (MatrixScience).

*3.2.4. Контролируемый раздел дисциплины «Современные методы возможности предсказания и расчета структуры белка. Биологическая роль межбелковых и межмолекулярных взаимодействий».*

Перечень вопросов:

1. Современные методы предсказания и расчета структуры белка. Межбелковые и межмолекулярные взаимодействия.
2. Основные механизмы формирования пространственных структур биологических макромолекул. Банки белковых структур.
3. Компьютерное моделирование взаимодействия биологических молекул. Методы сравнения пространственных структур биологических макромолекул. Молекулярная графика.

*3.2.5. Контролируемый раздел дисциплины «Свободно доступные системы баз данных с открытым исходным кодом. Курируемая биологическая база данных».*

Перечень вопросов:

1. Свободно доступная система баз данных с открытым исходным кодом – InterAct.
2. База данных сигнальных путей с открытым исходным кодом, курируемая и рецензируемая - Reactome.
3. Курируемая биологическая база данных белково-белковых взаимодействий – BioGrid.

*3.2.6. Контролируемый раздел дисциплины «Фракталы и фрактальный анализ в медико-*

биологических исследованиях».

Перечень вопросов:

1. Фракталы. Основы фрактальной геометрии. Фракталы в биологии и медицине
2. Фрактальная динамика. Теория сетей (Network Science).

3.2.7. *Контролируемый раздел дисциплины «Теория перколяции в медико-биологических исследованиях».*

Перечень вопросов:

1. Перколяционные фазовые переходы. Динамическая перколяция.
2. Фрактальные свойства перколяционного кластера.
3. Перколяционные эффекты в нейрональных сетях.

3.2.8. *Контролируемый раздел дисциплины «Современные программные средства, используемые при решении задач математического моделирования и анализа медико-биологической информации».*

Перечень вопросов:

1. Математическое моделирование. Виды математических моделей, используемые в медицине и биологии.
2. Язык программирования «Python»: структура данных, базовые алгоритмические единицы, виды циклов, стандартные библиотеки. Применение «Python» в медико-биологических исследованиях.
3. Охарактеризовать систему математического моделирования и язык программирования MatLab. Основные операторы, принципы программирования.

3.2.9. *Контролируемый раздел дисциплины «Моделирование в протеомике».*

Перечень вопросов:

1. BioModels - бесплатное хранилище с открытым исходным кодом для хранения, обмена и извлечения количественных моделей, представляющих биологический интерес.

### 3.3 Тестовые вопросы

Выберите один правильный ответ.

<i>Тестовые вопросы и варианты ответов</i>	<i>Компетенция, формируемая тестовым вопросом</i>
3.2.1. <i>Контролируемый раздел дисциплины «Введение в биоинформатику. Использование биоинформатики в биологии и медицине»</i>	
1. БИОИНФОРМАТИКА — ЭТО: 1) набор статистических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов; 2) набор физических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов; 3) набор компьютерных методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;	УК – 1, ОПК – 6

<p>4) набор химических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов;</p> <p>5) набор биологических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов.</p>	
<p><b>2. БИОИНФОРМАТИКА - ЭТО:</b></p> <p>1) междисциплинарная область, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;</p> <p>2) область статистики, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;</p> <p>3) область биохимии, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;</p> <p>4) область биофизики, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные;</p> <p>5) область вирусологии, разрабатывающая методы и программные средства для понимания биологических данных, особенно когда наборы данных большие и сложные.</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p><b>3. БАЗА ДАННЫХ - ЭТО:</b></p> <p>1) бесконечный объем данных, постоянно управляющийся с помощью СУБД;</p> <p>2) упорядоченный набор структурированной информации или данных, которые хранятся в электронном виде в компьютерной системе;</p> <p>3) сложная программа, направленная учет входящей информации;</p> <p>4) бесконечный набор аналоговых сигналов, которые обычно хранятся в памяти компьютера;</p> <p>5) информация разного типа, которая обычно хранится в электронном виде в компьютерной системе.</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p><b>4. РЕЛЯЦИОННАЯ БАЗА ДАННЫХ -ЭТО:</b></p> <p>1) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию о точном количестве сравнимых признаков;</p> <p>2) совокупность не связанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа;</p> <p>3) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа;</p> <p>4) совокупность взаимосвязанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>



<p>неопределенных значений;</p> <p>5) совокупность не связанных таблиц, каждая из которых содержит информацию об объектах определенного типа.</p>	
<p>5. <b>НЕРЕЛЯЦИОННАЯ БАЗА ДАННЫХ -ЭТО:</b></p> <p>1) база данных, в которой хранится строго структурированная информация, явно связанная с другими сравниваемыми признаками сведениями;</p> <p>2) комплекс аппаратно-программных средств, предназначенных для работы с информацией;</p> <p>3) аналог реляционной базы данных, в которой хранится строго структурированная информация;</p> <p>4) аналог реляционной базы данных, в которой хранится уникальная информация в свободном доступе;</p> <p>5) аналог реляционной базы данных, в которой информация хранится без строгой структуры и явной связи между другими сведениями.</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>6. <b>КАК РАСШИФРОВЫВАЕТСЯ SQL:</b></p> <p>1) structured question line;</p> <p>2) structured query language;</p> <p>3) strong question language;</p> <p>4) strict question line;</p> <p>5) strict query language.</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>7. <b>ОСНОВНОЙ ЗАДАЧЕЙ SQL ЯВЛЯЕТСЯ:</b></p> <p>1) предоставление простого способа считывания и предоставления пользователю или группе пользователей прав на осуществление определенных операций;</p> <p>2) предоставление простого способа считывания и определения пользователю или группе пользователей запрета, который является приоритетным по сравнению с разрешением;</p> <p>3) предоставление простого способа считывания и записи информации в базу данных;</p> <p>4) предоставление уникального способа считывания и записи информации в базу данных;</p> <p>5) предоставление информации в формализованном виде и записи информации в базу данных.</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>3.2.2. <i>Контролируемый раздел дисциплины «Омные науки – основные понятия и методы».</i></p>	
<p>8. <b>В РАМКАХ ГЕНОМИКИ РАССМАТРИВАЮТСЯ:</b></p> <p>1) определение нуклеотидной последовательности ДНК;</p> <p>2) все гены и их взаимодействие друг с другом;</p> <p>3) рекомбинационный механизм переключения активности генов;</p> <p>4) размеры двуспиральных ДНК;</p> <p>5) комплиментарное копирование матрице.</p>	<p>УК-1</p>

<p><b>9. ПРОТЕОМИКА - ОБЛАСТЬ <u>МОЛЕКУЛЯРНОЙ</u> <u>БИОЛОГИИ</u>, ПОСВЯЩЁННАЯ:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) идентификации и количественному анализу <u>белков</u>;</li> <li>2) идентификации и количественному анализу <u>жиров</u>;</li> <li>3) идентификации и количественному анализу <u>нуклеиновых кислот</u>;</li> <li>4) идентификации и количественному анализу <u>фосфолипидов</u>;</li> <li>5) идентификации и количественному анализу <u>сахаров</u>.</li> </ol>	УК-1
<p><b>10. ЭКСПРЕССИЯ ГЕНОВ — ПРОЦЕСС, В ХОДЕ КОТОРОГО НАСЛЕДСТВЕННАЯ ИНФОРМАЦИЯ ЗАЛОЖЕННАЯ В ГЕНЕ, ПРЕОБРАЗУЕТСЯ В ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ ПРОДУКТ:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) продуктов экспрессии – ДНК или белок;</li> <li>2) продуктов экспрессии – РНК или белок;</li> <li>3) продуктов экспрессии – РНК или фосфолипид;</li> <li>4) продуктов экспрессии – ДНК или фосфолипид;</li> <li>5) продуктов экспрессии – РНК или ДНК.</li> </ol>	УК-1
<p><b>11. ТРАНСКРИПТ – ЭТО:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) продукт активности фермента ДНК-полимеразы;</li> <li>2) продукт активности фермента РНК-полимеразы;</li> <li>3) продукт активности РНК- ДНК гибрида;</li> <li>4) прочность терминаторской шпильки в РНК;</li> <li>5) вставка интронов на уровне РНК.</li> </ol>	УК-1
<p><b>12. СЕКВЕНИРОВАНИЕ – ЭТО:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) группа методов, позволяющая узнать структуру альфа-аминокислот;</li> <li>2) группа методов, позволяющая узнать структуру белков;</li> <li>3) группа методов, позволяющая узнать последовательность нуклеотидов в молекуле РНК;</li> <li>4) группа методов, позволяющая узнать последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК;</li> <li>5) группа методов, позволяющая изучить сложную вторичную и третичную структуры РНК.</li> </ol>	УК-1
<p><b>13. МЕТАБОЛОМИКА ИЗУЧАЕТ:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) конечные и промежуточные продукты обмена веществ в клетке;</li> <li>2) начальные и конечные продукты обмена веществ в клетке;</li> <li>3) глюкозные транспортёры;</li> <li>4) совокупность всех исходных, промежуточных и конечных продуктов метаболизма ;</li> <li>5) натрий-зависимый транспортёр серотонина.</li> </ol>	УК-1
<p><i>3.1.3. Контролируемый раздел дисциплины «Белковые модификации и методы их изучения: молекулярные методы исследования.»</i></p>	

<p>14. ВАЖНЕЙШЕЙ ОСОБЕННОСТЬЮ ВНУТРИМОЛЕКУЛЯРНЫХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ, СТАБИЛИЗИРУЮЩИХ МАКРОМОЛЕКУЛЯРНУЮ СТРУКТУРУ ДНК, ЯВЛЯЕТСЯ ИХ:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) кооперативность;</li> <li>2) анти-конформация;</li> <li>3) коррекция;</li> <li>4) полимеризация;</li> <li>5) экзонуклеазная активность.</li> </ol>	УК-1
<p>15. ВЕСТЕРН-БЛОТТИНГ - АНАЛИТИЧЕСКИЙ МЕТОД, ИСПОЛЬЗУЕМЫЙ ДЛЯ:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) определения в образце специфичных <u>нуклеиновых кислот</u>;</li> <li>2) определения в образце специфичных <u>фосфолипидов</u>;</li> <li>3) определения в образце специфичных <u>белков</u>;</li> <li>4) определения в образце специфичных <u>жиров</u>;</li> <li>5) определения в образце специфичных <u>углеводов</u>.</li> </ol>	УК-1
<p>16. ЭЛЕКТРОФОРЕЗ – ЭТО:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) <u>электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием внешнего магнитного поля</u>;</li> <li>2) <u>электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием внешнего электромагнитного поля</u>;</li> <li>3) <u>электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием внешнего электрического поля</u>;</li> <li>4) <u>электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием ультразвука</u>;</li> <li>5) <u>электрокинетическое явление перемещения частиц дисперсной фазы (коллоидных или белковых растворов) в жидкой или газообразной среде под действием инфразвука</u>.</li> </ol>	УК-1
<p><i>3.1.4. Контролируемый раздел дисциплины «Современные методы возможности предсказания и расчета структуры белка. Биологическая роль межбелковых и межмолекулярных взаимодействий».</i></p>	
<p>17. ДЛЯ БЕЛКОВ ПРЕДСКАЗАНИЕ СОСТОИТ В СООТНЕСЕНИИ:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) отдельных участков аминокислотной последовательности;</li> <li>2) генерации позиционной весовой матрицы с помощью PSI-BLAST;</li> <li>3) белок-белковых коэффициентов трения;</li> <li>4) трансляционной диффузии альбумина и изменении его подвижности при различных концентрациях;</li> </ol>	УК – 1

5) изменения коэффициента самодиффузии.	
18. ВТОРИЧНАЯ СТРУКТУРА БЕЛКА ОПРЕДЕЛЯЕТСЯ: 1) взаимодействием боковых групп аминокислотных остатков; 2) взаимодействием полярных и заряженных остатков; 3) взаимодействием атомов основной цепи белка; 4) взаимодействием гидрофобных боковых групп; 5) взаимодействием нескольких полипептидных цепей.	УК – 1
<i>3.1.5. Контролируемый раздел дисциплины «Свободно доступные системы баз данных с открытым исходным кодом. Курируемая биологическая база данных».</i>	
19. BIOGRID ОБЪЕДИНЯЕТ ДАННЫЕ: 1) межвидового взаимодействия белков; 2) межвидового взаимодействия жиров; 3) межвидового взаимодействия углеводов; 4) межвидового взаимодействия нуклеиновых кислот; 5) межвидового взаимодействия липидов.	УК – 1, ОПК – 6
20. HPRD ФОКУСИРУЕТСЯ ГЛАВНЫМ ОБРАЗОМ НА: 1) данных млекопитающих; 2) данных человека; 3) структуре клетки; 4) строении ядра; 5) строении митохондрий.	УК – 1, ОПК – 6
<i>3.1.6. Контролируемый раздел дисциплины «Фракталы и фрактальный анализ в медико-биологических исследованиях».</i>	
21. ФРАКТАЛ - МНОЖЕСТВО, ОБЛАДАЮЩЕЕ СВОЙСТВОМ: 1) аналогии; 2) дублирования; 3) клонирования; 4) копирования; 5) самоподобия.	УК – 1, ОПК – 6
22. САМОПОДОБНЫЕ ФИГУРЫ, ПОВТОРЯЮЩИЕСЯ КОНЕЧНОЕ ЧИСЛО РАЗ, НАЗЫВАЮТСЯ: 1) предфракталами; 2) фракталами; 3) постфракталами; 4) квазифракталами; 5) алгебраическими фракталами.	УК – 1, ОПК – 6
23. ДЛЯ БОЛЬШИНСТВА ФРАКТАЛОВ, ВСТРЕЧАЮЩИХСЯ В ПРИРОДЕ (ГРАНИЦЫ ОБЛАКОВ, ЛИНИЯ БЕРЕГА, ДЕРЕВЬЯ, ЛИСТЬЯ РАСТЕНИЙ, КОРАЛЛЫ И Т. Д.), БОЛЕЕ МЕЛКИЕ ЭЛЕМЕНТЫ ПОХОЖИ НА БОЛЕЕ КРУПНЫЕ, НО НЕ ИДЕНТИЧНЫ. ИМЕННО ТАКИЕ ФРАКТАЛЬНЫЕ ОБЪЕКТЫ И ПОЛУЧИЛИ НАЗВАНИЕ:	УК – 1, ОПК – 6

<ul style="list-style-type: none"> <li>1) предфракталов;</li> <li>2) фракталов;</li> <li>3) постфракталов;</li> <li>4) квазифракталов;</li> <li>5) алгебраических фракталов.</li> </ul>	
<p>24. МАТЕМАТИЧЕСКИМ ВЫРАЖЕНИЕМ САМОПОДОБИЯ ЯВЛЯЕТСЯ:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1) степенная функция;</li> <li>2) показательная функция;</li> <li>3) линейная функция;</li> <li>4) тригонометрическая функция;</li> <li>5) логарифмическая функция.</li> </ul>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>25. ГЕНЕРАТОРОМ САЛФЕТКИ СЕРПИНСКОГО ЯВЛЯЕТСЯ:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1) равнобедренный треугольник;</li> <li>2) равносторонний треугольник;</li> <li>3) прямоугольный треугольник;</li> <li>4) квадрат;</li> <li>5) окружность.</li> </ul>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>3.1.7. Контролируемый раздел дисциплины «Теория перколяции в медико-биологических исследованиях».</p>	
<p>26. ЯВЛЕНИЕ ПРОТЕКАНИЯ ИЛИ НЕПРОТЕКАНИЯ ЖИДКОСТЕЙ ЧЕРЕЗ ПОРИСТЫЕ МАТЕРИАЛЫ, НАЗЫВАЮТ:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1) перколяцией;</li> <li>2) капиллярностью;</li> <li>3) смачиванием;</li> <li>4) несмачиванием;</li> <li>5) текучестью.</li> </ul>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>27. СОВОКУПНОСТЬ ЭЛЕМЕНТОВ, ПО КОТОРЫМ ПРОИСХОДИТ ПРОТЕКАНИЕ, НАЗЫВАЕТСЯ:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1) порогом протекания;</li> <li>2) перколяционным <u>кластером</u>;</li> <li>3) критическим кластером;</li> <li>4) проводящим состоянием узлов;</li> <li>5) непроводящим состоянием узлов.</li> </ul>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>3.1.8. Контролируемый раздел дисциплины «Современные программные средства, используемые при решении задач математического моделирования и анализа медико-биологической информации».</p>	
<p>28. ПРЕИМУЩЕСТВА PYTHON, КАК - <u>ВЫСОКОУРОВНЕВОГО ЯЗЫКА ПРОГРАММИРОВАНИЯ ОБЩЕГО НАЗНАЧЕНИЯ</u>:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1) позволяет значительно упростить отладку программ;</li> <li>2) не надо заранее объявлять тип переменной;</li> <li>3) поддержка <u>объектно-ориентированного</u></li> </ul>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>

<p><u>программирования;</u></p> <p>4) понятный и лаконичный <u>синтаксис</u>, способствующий ясному отображению кода;</p> <p>5) все ответы верны.</p>	
<p>29. МАТЛАВ - ИНТЕРПРЕТИРУЕМЫЙ ЯЗЫК ПРОГРАММИРОВАНИЯ, ПРЕДНАЗНАЧЕННЫЙ ДЛЯ:</p> <p>1) решения вычислительных задач;</p> <p>2) хранение биологических данных;</p> <p>3) увеличения скорости работы приложений;</p> <p>4) обеспечения сверхнадёжного хранения данных;</p> <p>5) предоставления простого способа считывания и записи информации в базу данных;</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>
<p>30. ПРОГРАММЫ, НАПИСАННЫЕ НА МАТЛАВ, БЫВАЮТ СЛЕДУЮЩИХ ТИПОВ:</p> <p>1) графы и скрипты;</p> <p>2) графы и функции;</p> <p>3) функции и скрипты;</p> <p>4) кластеры и скрипты;</p> <p>5) кластеры и функции.</p>	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>

#### Эталоны ответов

<i>Номер тестового задания</i>	<i>Номер эталона ответа</i>
1	3)
2	1)
3	2)
4	3)
5	5)
6	2)
7	3)
8	2)
9	1)
10	2)
11	2)
12	4)
13	4)
14	1)
15	3)

16	3)
17	1)
18	3)
19	1)
20	2)
21	5)
22	1)
23	4)
24	1)
25	2)
26	1)
27	2)
28	5)
29	1)
30	3)