**Карта тестовых заданий**

**Компетенция:ПК-2:**Разрабатывает систему мероприятий по повышению эффективности управления водными биоресурсами

**Индикатор:** **ПК-2.3:**Знает основы биоинформатики и ее применение в генетических исследованиях

**Дисциплина**: Биоинформатика

**Описание теста:**

1. Тест состоит из 70 заданий, которые проверяют уровень освоения компетенций обучающегося. При тестировании каждому обучающемуся предлагается 30 тестовых заданий по 15 открытого и закрытого типов разных уровней сложности.

2. За правильный ответ тестового задания обучающийся получает 1 условный балл, за неправильный ответ – 0 баллов. По окончании тестирования, система автоматически определяет «заработанный итоговый балл» по тесту, согласно критериям оценки

3 Максимальная общая сумма баллов за все правильные ответы составляет – 100 баллов.

4. Тест успешно пройден, если обучающийся правильно ответил на 70% тестовых заданий (61 балл).

5. На прохождение тестирования, включая организационный момент, обучающимся отводится не более 45 минут. На каждое тестовое задание в среднем по 1,5 минуты.

6. Обучающемуся предоставляется одна попытка для прохождения компьютерного тестирования.

**Кодификатором** теста по дисциплине является раздел рабочей программы «4. Структура и содержание дисциплины (модуля)»

**Комплект тестовых заданий**

**Задания закрытого типа**

**Задания альтернативного выбора**

*Выберите* ***один*** *правильный ответ*

**Простые (1 уровень)**

1.Исторически два первых метода секвенирования НК.

А) Пиросеквенирование

**Б) Метод Сенгера или метод обрыва цепи**

В) Нанопоровое секвенирование

Г) Химическое секвенирование

2. Какая цифра указывает на локальное выравнивание?

**А) I**

Б) II

В) III

3. Отражают ли матрицы замен BLOSUM эволюцию белков?

А) Да

Б) Нет

**В) Вообще все матрицы аминокислотных замен отражают эволюцию белков**

4. Для распознавания чего используют скрытые модели Маркова на текущий день? Отметьте все правильные применения.

А) Белковых доменов

Б) геновДНК

**В) CpG островков ДНК**

Г) Множественное выравнивание

5.Вторичные структуры РНК (имеются в виду только участки, образующие водородные связи) с точки зрения грамматики и с учетом комплементарности относятся к:

А) Языку повторов

**Б) Регулярному языку**

В) Языку палиндромов

6.Наиболее многообещающий в плане точности подход к моделированию третичных структур белков использует:

А) Физические принципы (энергия Гиббса)

Б) Сравнительное моделирование по гомологии

**В) Нейросети**

**Средне-сложные**

7.Основной минус секвенирования второго поколения (Illumina,Ion Torrent):

А) Дороговизна в пересчете на нуклеотид

Б**) Сложность подготовки библиотеки**

В) Малая длина прочтений

Г) Низкое качество (большая вероятность ошибки) прочтений

8.Зачем нужна проверка сырых данных секвенирования второго поколения, если их точность на текущий день высока?

А) Так принято

**Б) Чтобы определить порог качества прочтений, ниже которого затем будете их удалять**

В) Общая проверка качества секвенирования, в частности на наличие артефактов, вызванных неоднородностью ячейки для секвенирования, например из-за пузырей или пыли

9.Основная проблема сборки (данные второго поколения) с использованием алгоритма OLC:

А) Требует много вычислительных ресурсов

Б) **Низкая точность сборки**

10.Какой подход к сборке с использованием секвенирования второго поколения на данный момент превалирует:

А**) на основе OLC алгоритмана**

Б) основе графов де Брюйна

11.Основной минус UPGMA и NJ методов реконструкции деревьев:

А) Требовательны к ресурсам (долгие)

Б**) Подходят не для всех типов последовательностей**

В) Не используют модели эволюции, то есть частоты замен, трансверсий, транзиций, нуклеотидов, уровень гетерогенности

12. Основная проблема оценки экспрессии генов по данным секвенирования второго поколения:

А) Дороговизна в пересчете на ген

**Б) Низкая точность**

В) От выбора способа нормализации и подхода к оценке дифференциальной экспрессии результаты могут значительно варьироваться

13. В чем основной минус относительной формы (в виде кратности) представления экспрессии генов по результатам RNA-seq?

А) Нет никаких проблем, лучше чем абсолютная форма (TPM, FPKM)

**Б) Относительная оценка может показывать сильное изменение экспрессии, хотя на деле в обоих образцах транскрипт представлен парой молекул**

В) Сложность расчета относительной оценки экспрессии

14.UniProt относится к:

А) Архивным базам данных;

**Б) Курируемым базам данных;**

В) Автоматическим базам данных;

Г) Интегрированным базам данных.

15. Нуклеотиды обозначаются:

А**) строчной буквой (не всегда**);

Б) прописной буквой (всегда).

16. Что такое фолдинг?

**А) спонтанное сворачивание белков с целью формирования их нативной структуры;**

Б) спонтанное сворачивание белков с целью формирования их денатурированной конформации.

17. Алгоритм – это:

**А) систематизированная совокупность шагов, действий, которые нацелены на решение определённой задачи, или достижение определённой цели.**

Б) полное и точное определение последовательности действий для решения задачи;

В) учение о методах, способах и стратегиях исследования предмета.

18.Фармакогеномика – это

А) раздел фармакологии, рассматривающий совокупность эффективности лекарственных средств;

Б) **отрасль фармацевтики и фармакологии, которая исследует влияние генетической**[**вариации**](https://pandia.ru/text/category/variatciya/)**каждого человека в его ответе на лекарственное средство;**

В) раздел медицинской генетики, изучающий особенности метаболических путей, с которыми взаимодействуют лекарства.

19.Предсказание пространственной структуры белка ab initio – это:

А) моделирование укладки “из первых принципов” – без использования дополнительной информации о структурах схожих белков;

**Б) моделирование на основе известных структур схожих белков;**

В) моделирование на основе слабой гомологии.

20. SwissProt относится к:

А) Архивным базам данных;

**Б) Курируемым базам данных;**

В) автоматическим базам данных;

Г) Интегрированным базам данных.

21. Природные нуклеотиды в структуре ДНК (РНК):

**А) аденин, гуанин, цитозин, аланин;**

Б) урацил, цистеин, гуанин, тимин;

В) аденин, гуанин, цитозин, тимин.

22. Что такое выравнивание последовательностей:

А) Определение соответствия между остатками;

**Б) Сравнение физической структуры между двумя последовательностями;**

В) Теоретическое подстраивание одной последовательности под другую с целью их дальнейшего изменения.

23. Ген – это:

А) участок ДНК, задающий последовательность определённого полипептида либо функциональной РНК;

**Б) участок РНК;**

В) ДНК.

24. Целью филогенетического исследования является выявление взаимосвязей между:

А) Видами, популяциями, индивидами или генами;

**Б) Генами;**

В) Видами и индивидами.

**Сложные.**

25. ЯМР - это:

А) метод определения структуры макромолекулы;

**Б) метод определения позиции и вероятного нахождения атомов в молекуле.**

**Вопросы на соответствие**

26.Установите соответствие:**1Б,2А**

**Простые**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. Относящийся к числу основных в генетике человека, этот метод опирается на генеалогию — учение о родословных. Его сутью является составление родословной и последующий ее анализ. Впервые такой подход был предложен английским ученым Ф. Гальтоном в 1865 г | А)Близнецовый метод |
| 2. Это метод изучения генетических закономерностей на близнецах. Впервые он был предложен Ф. Гальтоном в 1875 г. Близнецовый метод дает возможность определить вклад генетических (наследственных) и средовых факторов (климат, питание, обучение, воспитание и др.) в развитии конкрет ных признаков или заболеваний у человека | Б)Генеалогический метод |

27. Установите соответствие:**1А,2Б**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. одним из важных направлений в современной генетике является популяционная генетика. Она изучает генетическую структуру популяций, их генофонд, взаимодействие факторов, обусловливающих постоянство и изменение генетической структуры популяций. | А)Популяционно-статистический метод |
| 2. основа метода — микроскопическое изучение хромосом человека. Цитогенетические исследования стали широко использоваться с начала 20-х гг. ХХ в. для изучения морфологии хромосом человека, подсчета хромосом, культивирования лейкоцитов для получения метафазных пластинок. | Б)Цитогенетический метод |

**Средне-сложные.**

28.Установите соответствие:**1А,2Б**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. причиной многих врожденных нарушений метаболизма являются различные дефекты ферментов, возникающие вследствие изменяющих их структуру мутаций. Использование современных биохимических методов (электрофореза, хроматографии, спектроскопии и др.) позволяют определять любые метаболиты, специфические для конкретной наследственной болезни. | А)Биохимический метод |
| 2. выявление эффекта мутации, оценка мутагенной опасности отдельных факторов и окружающей среды. Поиск неизвестных мутаций и выявление известных мутаций - это разные диагностические задачи. Крупные мутации легче обнаружить. Блоттинг по Саузерну и полимеразная цепная реакция позволяют выявить увеличение числа тринуклеотидных повторов, делеции, вставки и другие перестройки ДНК. Также мутационный метод позволяет выявить любую мутацию, существенно снижающую уровень мРНК. | Б)Мутационный метод |

29. Установите соответствие:**1Б,2А**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. Метод позволяющий выявить генные мутации, которые невозможно разглядеть в микроскоп. Исследование заключается в выявлении с помощью химических реакций или бактериальных маркеров накопившихся метаболитов, указывающих на нарушение обмена веществ | А) Популяционный |
| 2. Данный метод исследует распространения генов в человеческих популяциях. Он позволяет изучать географическое распространение и частоту тех или иных генов и влияние на эти показатели различных факторов | Б) Биохимический |

30. Установите соответствие:**1А,2Б**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. метод, разработанный в 1865 году Ф. Гальтоном, заключается в анализе родословных и позволяет определить тип наследования нормального или патологического признака | А) Близнецовый |
| 2. В 1876 году Ф. Гальтон предложил использовать метод анализа близнецов для разграничения роли наследственности и среды в развитии различных признаков у человека. | Б) Генеалогический |

31. Установите соответствие:**1Б,2А**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. В 1876 году Ф. Гальтон предложил использовать метод анализа близнецов для разграничения роли наследственности и среды в развитии различных признаков у человека. | А) Генная инженерия |
| 2. Метод генной инженерии заключается в том, что в генотип организмов встраиваются или исключаются из него отдельные гены или группы генов, в результате чего в клетке возникают новые процессы, например, происходит синтез белков, которые ранее не синтезировался. | Б) Близнецовый |

32. Установите соответствие:**1-Б ,2-А**

|  |  |
| --- | --- |
| 1.Аминоавтотрофы | А) –Получают азот из органических соединений – аминокислот, сложных белков. Сюда относятся все патогенные микроорганизмы и большинство сапрофитов. |
| 2.Аминогетеротрофы | Б) Для синтеза белка клетки используют молекулярный азот воздуха или усваивают его из аммонийных солей. |

33. Установите соответствие: **1- Б,2-В ,3- А.**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 1. Ферменты | А) Участвуют в реакциях обмена веществ до более простых соединений, которые могут быть усвоены | |
| 2. Экзоферменты | | Б) Биологические катализаторы, высокомолекулярные вещества белковой природы, вырабатываемые живой клеткой. |
| 3. Эндофермент | | В) Выделяясь во внешнюю среду, расщепляют макромолекулы питательных веществ, происходящих внутри клетки |

34. Установите соответствие: **1-А ,2-Б ,3-В.**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. Капсулообразование | А) Это способность микроорганизмов образовывать на поверхности капсулу, которая защищает бактерии от клеток фагоцитов организма хозяина. |
| 2. Токсинообразование | Б) Способность микроорганизмов вырабатывать яды. |
| 3. Экзотоксины | В) Это вещества белковой природы, обладают выраженными иммуногенными и антигенными свойствами. По типу действия экзотоксины делятся на: А. цитотоксины – блокируют синтез белка в клетке; Б. мембранотоксины – действуют на мембраны клеток. |

35. Установите соответствие: **1-А,2-Б ,3-В.**

|  |  |
| --- | --- |
| 1. Стерилизация | А) это полное освобождение объектов окружающей среды от микроорганизмов и их спор. |
| 2. Автоклавирование | Б) – это обработка паром под давлением, которая проводится в специальных приборах – автоклавах. |
| 3. Сухожаровая стерилизация | В) обеззараживание материала с помощью специальной печи. |

**Вопрос на короткий ответ**

**Простые**

36. ​\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ — количество раз, которое был прочитан нуклеотид в процессе

секвенирования. Отсюда можно посчитать, например, среднее покрытие генома( **Покрытие нуклеотида**)

37.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_набор  перекрывающихся  последовательностей  фрагментов  ДНК (ридов),  полученных  из  одного  биологического  источника(**Контиг**)

38.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ ​— определение первичной структуры биополимера(**Секвенирование**)

39.Одна из вариантных форм [гена](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#gene), отличающаяся от других форм своей [нуклеотидной](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#nucleotide) последовательностью\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_(**Аллель**)

40.Семейство тандемно повторяющихся последовательностей [ДНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#DNA), присутствующих в [хромосоме](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#chromosome) многих высших Считается, что эукариоты помогают поддерживать структуру и функцию центромеры\_\_\_\_\_\_\_\_\_  **(Альфа-спутниковая последовательность)**

41.Применение компьютерных технологий для управления биологической информацией\_\_\_\_\_\_\_\_(**Биоинформатика)**

42**.**Структура данных, в которой хранятся метаданные, *т.е*. данные о данных\_\_\_\_\_\_\_\_(**база данных)**

**Средне-сложные**

43**.**Удаление какой-либо части [нуклеиновой кислоты](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#nucleic_acid) или [белковой](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#protein) последовательности\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_( **стирание)**

44.Дезоксирибонуклеиновая кислота. [Нуклеиновая кислота](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#nucleic_acid), из которой состоят [гены](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html" \l "gene)\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_( **ДНК)**

45.Класс организмов, состоящих из одной или нескольких клеток, каждая из которых содержит мембрану, заключенную ядро и упаковывает свою [ДНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#DNA) с гистонами в массив нуклеосом\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_(**Эукариоты**)

46. \_\_\_\_\_\_\_— это непрерывный сегмент эукариотической [ДНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#DNA), который соответствует части зрелого (обработанного) продукта [РНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#RNA) этого [гена](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#gene) (**Экзон**)

47.Изменение последовательности ДНК, вызванное воздействием мутагена на [ДНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#DNA)\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_( **Индуцированная мутация**)

48.Чередуйте формы специфического [белка](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#protein) с немного отличающимися [аминокислотными](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#amino_acid) последовательностями. Часто различные изоформы образуются путем альтернативного сплайсинга конкретной [мРНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html" \l "mRNA)\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_(**Изоформа**)

49.Матричная [РНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#RNA), разновидность [РНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#RNA), которая транслируется в полипептид\_\_\_\_\_\_\_(**МРНК**)

50.Молекула РНК, которая функционирует без трансляции в [белок](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#protein), например, [транспортная РНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#tRNA) и [рибосомная РНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html" \l "rRNA)\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_( **некодирующая РНК)**

51.Ортология – это состояние ортологичности\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_( **Ортология**)

52.Транспозируемый элемент дрозофилы, который использовался в качестве инструмента для инсерционного мутагенеза и для трансформации зародышевой линии\_\_\_\_\_\_\_\_\_(**Элемент P**)

53. \_\_\_\_\_\_ – это состояние паралогичности (**Паралогия)**

54.Ковалентная связь, в которой две гидроксильные группы образуют сложные эфирные связи с одним и тем же фосфатом группа; соединяет последовательные [нуклеотиды](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#nucleotide) в [ДНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#DNA) или [РНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#RNA)\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_( **фосфодиэфирная связь)**

55.Класс одноклеточных организмов, включая эубактерии и археи, у которых отсутствует мембранно-ограниченные органеллы, включая ядро\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_(**Прокариоты)**

56.Последовательность [ДНК](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#DNA), похожая на [ген](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#gene), но нефункциональная, вероятно, остаток некогда функционального [гена](https://discoveryandinnovation.com/bioinformatics/glossary.html#gene), который накапливал мутации\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_( **псевдоген)**

57.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ – это процесс определения функции гена на основе его последовательности. Для этого используются различные алгоритмы и программы, которые анализируют структуру гена, его кодирующую последовательность и другие характеристики. Например, алгоритмы могут искать определенные мотивы или шаблоны в последовательности, которые связаны с определенными функциями (**Аннотация генов**)

58.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ – это метод, который сравнивает геномы разных организмов для определения сходств и различий в генах и их функциях (**Сравнительная геномика**)

59.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_– это процесс определения функции гена на основе его сходства с уже известными генами, для которых функция уже известна. (**Функциональные аннотации**)

60.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_это процесс изучения уровня активности генов в клетках или тканях. Экспрессия генов определяет, какие гены активны и производят РНК, которая затем транслируется в белки. (**Анализ экспрессии генов**)

61.это наука, которая объединяет биологию и информатику для анализа и интерпретации генетической информации. Она играет важную роль в современной биологической и медицинской науке, позволяя исследователям изучать гены, предсказывать их функции, анализировать экспрессию генов и многое другое\_\_\_\_\_\_\_\_\_(**Биоинформатика**)

62. \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ – это метод, который сравнивает геномы разных организмов для определения сходств и различий в генах и их функциях (**Сравнительная геномика**)

63.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ это полный набор генетической информации, содержащийся в клетке организма. Он состоит из ДНК (дезоксирибонуклеиновой кислоты) или РНК (рибонуклеиновой кислоты), которые кодируют гены и определяют структуру и функцию организма (**Геном**)

64. \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_это участок ДНК или РНК, который содержит информацию о структуре и функции белка или РНК молекулы. (**Ген**)

65. \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_это процесс определения последовательности нуклеотидов (A, T, C, G) в ДНК или РНК молекуле. (**Секвенирование**)

66.\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_– это процесс сравнения двух или более последовательностей ДНК или РНК для определения степени их сходства или различия.(**Выравнивание последовательностей**)

67. \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ – это процесс, при котором генетическая информация в геноме преобразуется в функциональные продукты, такие как белки или РНК молекулы **(Генная экспрессия**)

68. \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ – это набор инструментов и алгоритмов, которые используются для изучения и интерпретации генетической информации. Эти методы позволяют исследователям анализировать гены, их структуру, функцию и взаимодействие с другими генам (**Компьютерные методы анализа генов**)

69. \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ – это технология, которая позволяет одновременно измерять экспрессию тысяч генов. На микрочипе находятся маленькие фрагменты ДНК, которые представляют гены, и они связываются с РНК, которые присутствуют в образце. Затем измеряется интенсивность связывания, что позволяет определить уровень экспрессии генов (**Микрочипы ДНК**)

70. Это усвоение питательных веществ и использование их для синтеза клеточных структур.

**Ассимиляция**

**Карта учета тестовых заданий (вариант 1)**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Компетенция | ПК2. Способен конструировать блоки, узлы и детали информационно-измерительных систем | | | |
| Индикатор | ПК-2.3 Разрабатывает технологические процессы производства приборов и комплексов широкого назначения | | | |
| Дисциплина | Технология приборостроения | | | |
| Уровень освоения | Тестовые задания | | | Итого |
| Закрытого типа | | Открытого типа |
| Альтернативный выбор | Установление соответствия/ последовательности | На дополнение |
| 1.1.1 (20%) | 5 | 2 | 7 | 14 |
| 1.1.2 (70%) | 17 | 7 | 24 | 48 |
| 1.1.3 (10%) | 3 | 1 | 4 | 8 |
| Итого: | 25 шт. | 10 шт. | 35 шт. | 70 шт. |

**Критерии оценивания тестовых заданий**

Критерии оценивания: правильное выполнение одного тестового задания оценивается 1 условным баллом, неправильное – 0 баллов.

Максимальная общая сумма баллов за все правильные ответы составляет наивысший балл – 100 баллов.

**Шкала оценивания результатов компьютерного тестирования обучающихся** (рекомендуемая)

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Оценка | Процент верных ответов | Баллы |
| «удовлетворительно» | 70-79% | 61-75 баллов |
| «хорошо» | 80-90% | 76-90 баллов |
| «отлично» | 91-100% | 91-100 баллов |