

**федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
Первый Московский государственный медицинский университет им. И.М. Сеченова
Министерства здравоохранения Российской Федерации
(Сеченовский Университет)**

Институт цифровой медицины
Кафедра информационных и интернет технологий

Методические материалы по дисциплине:

Практическая биоинформатика

основная профессиональная образовательная программа высшего
образования - программа магистратуры

19.04.01 Биотехнология

Основы биоинформатики Вопрос_1

КАКИЕ БАНКИ ДАННЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДНК, ВХОДЯТ В МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНСОРЦИУМ?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Genbank, EMBL, DDBJ		100
B.	PubMed, UniProt		0
C.	GeneMANIA, STRING		0
D.	PDB (Protein Data Bank), SWISS-PROT		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_10

НАЗОВИТЕ БАЗЫ ДАННЫХ, СОДЕРЖАЩИЕ ИНФОРМАЦИЮ О НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯХ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

НАЗОВИТЕ БАЗЫ ДАННЫХ, СОДЕРЖАЩИЕ ИНФОРМАЦИЮ О НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯХ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ			<i>MC</i>
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			a
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	TRANSFAC (Transcription Factors), TRRD (Transcription Regulatory Region Database), EPD (Eukaryotic Promoter Database)		100
B.	Uniprot, PFAM, CATH		0
C.	PDB (Protein Data Bank)		0
D.	KEGG, GeneOntology		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_100

ПОСТ-ГЕНОМНАЯ ЭРА МОЖЕТ ВЕСТИ ОТЧЕТ СО СЛЕДУЮЩЕГО МОМЕНТА:			<i>MC</i>
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			a
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПОСТ-ГЕНОМНАЯ ЭРА МОЖЕТ ВЕСТИ ОТЧЕТ СО СЛЕДУЮЩЕГО МОМЕНТА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Полное секвенирование генома человека в 2000 году		100
B.	Открытие первых аминокислот глицина и лейцина в 1820 году		0
C.	Открытие двойной спирали ДНК Уотсоном и Криком в 1953 году		0
D.	Секвенирование первой последовательности тРНК дрожжей <i>Saccharomyces cerevisiae</i> в 1965 году		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_11

КАКИЕ БЕЛКИ ЯВЛЯЮТСЯ ТРАНСКРИПЦИОННЫМИ ФАКТОРАМИ (ФАКТОРАМИ ТРАНСКРИПЦИИ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

КАКИЕ БЕЛКИ ЯВЛЯЮТСЯ ТРАНСКРИПЦИОННЫМИ ФАКТОРАМИ (ФАКТОРАМИ ТРАНСКРИПЦИИ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Белки, которые связываются с ДНК в геноме, оказывая тем самым регуляторное влияние на транскрипцию гена		100
B.	Белки, которые связываются с другими белками		0
C.	Белки в составе мембраны в клетке		0
D.	Белки, участвующие в сборке (укладке цепи) других белков (шапероны)		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 12

ГЕНОМНЫЕ РЕСУРСЫ (БРАУЗЕРЫ ДАННЫХ), СОДЕРЖАЩИЕ ИНФОРМАЦИЮ О РЕФЕРЕНСНОМ ГЕНОМЕ ЧЕЛОВЕКА. ВЫБЕРИТЕ ИЗ СПИСКА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ГЕНОМНЫЕ РЕСУРСЫ (БРАУЗЕРЫ ДАННЫХ), СОДЕРЖАЩИЕ ИНФОРМАЦИЮ О РЕФЕРЕНСНОМ ГЕНОМЕ ЧЕЛОВЕКА. ВЫБЕРИТЕ ИЗ СПИСКА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov), UCSC (genome.ucsc.edu), ENSEMBL (www.ensembl.org)		100
B.	PANTHER database, DAVID		0
C.	PDB (Protein Data Bank)		0
D.	Plant Genome DataBase Japan (PGDBj)		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 13

БАЗЫ ДАННЫХ, СОДЕРЖАЩИЕ ИНФОРМАЦИЮ ОБ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ ЧЕЛОВЕКА. ВЫБЕРИТЕ ИЗ СПИСКА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗЫ ДАННЫХ, СОДЕРЖАЩИЕ ИНФОРМАЦИЮ ОБ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ ЧЕЛОВЕКА. ВЫБЕРИТЕ ИЗ СПИСКА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	GEO NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/), TCGA (The Cancer Genome Atlas)		100
B.	DAVID, PANTHER, AmiGO		0
C.	PDB, UniProt		0
D.	PubMed		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 14

ПРИ ПУБЛИКАЦИИ НАУЧНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ, ВКЛЮЧАЮЩИХ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ДНК И ПРЕДСТАВЛЯЮЩИХ НОВЫЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК, В РЕЙТИНГОВЫХ ЖУРНАЛАХ, ОБЯЗАТЕЛЬНЫ ЛИ В ПУБЛИКАЦИЯХ ССЫЛКИ НА АРХИВ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ?			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПРИ ПУБЛИКАЦИИ НАУЧНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ, ВКЛЮЧАЮЩИХ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ДНК И ПРЕДСТАВЛЯЮЩИХ НОВЫЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК, В РЕЙТИНГОВЫХ ЖУРНАЛАХ, ОБЯЗАТЕЛЬНЫ ЛИ В ПУБЛИКАЦИЯХ ССЫЛКИ НА АРХИВ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Да, в рейтинговых журналах		100
B.	Только в тезисах научных конференций		0
C.	В базах данных структур белков		0
D.	В базах данных рентгеновских снимков		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 15

ВОЗМОЖНО ЛИ ОПРЕДЕЛИТЬ НЕТРАНСЛИРУЕМЫЕ РАЙОНЫ ГЕНА ПО КАРТОЧКЕ GENBANK?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ВОЗМОЖНО ЛИ ОПРЕДЕЛИТЬ НЕТРАНСЛИРУЕМЫЕ РАЙОНЫ ГЕНА ПО КАРТОЧКЕ GENBANK?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Определение возможно по координатам позиций нуклеотидов в карточке, отсчитав нужную позицию внутри последовательности гена		100
B.	Такой информации в карточке нет		0
C.	Возможно определить только позиции экзонов в гене		0
D.	Нетранслируемые районы можно увидеть только на графике, определить точно позицию невозможно		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_16

ФОРМАТЫ ДАННЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ, ДЛЯ РАБОТЫ С ТАБЛИЧНЫМИ ДАННЫМИ О ПРОЧТЕНИЯХ ДНК ВКЛЮЧАЮТ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ФОРМАТЫ ДАННЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ, ДЛЯ РАБОТЫ С ТАБЛИЧНЫМИ ДАННЫМИ О ПРОЧТЕНИЯХ ДНК ВКЛЮЧАЮТ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Форматы FASTA, BED файл, FASTQ		100
B.	Формат структур белков PDB		0
C.	Формат геномной сети (STRING)		0
D.	Форматы HTML, SBML		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 17

ДОТ-МАТРИЦА ИЛИ МЕТОД ДИАГРАММ ДЛЯ СРАВНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. КАК ВЫГЛЯДИТ СОВПАДАЮЩИЙ УЧАСТОК ДВУХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ РАЗЛИЧНЫХ МАКРОМОЛЕКУЛ НА ДОТ-МАТРИЦЕ?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Диагональ		100
B.	Вертикальная линия		0
C.	Горизонтальная линия		0
D.	Круг		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 18

ВОЗМОЖНО ЛИ ВЫРАВНИВАНИЕ АМИНОКИСЛОТНЫХ И НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИНСТРУМЕНТОВ BLAST (С ПЕРЕКОДИРОВАНИЕМ НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ В АМИНОКИСЛОТНУЮ)?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	В пакете BLAST NCBI		100
B.	В программе Jmol в PDB		0
C.	В программе GeneMANIA		0
D.	В базе данных SWISS-PROT		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбрать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 19

ГЛОБАЛЬНОЕ И ЛОКАЛЬНОЕ ВЫРАВНИВАНИЕ ПАРЫ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. НАЗОВИТЕ ИНСТРУМЕНТЫ (ПРОГРАММЫ) ВЫРАВНИВАНИЯ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ГЛОБАЛЬНОЕ И ЛОКАЛЬНОЕ ВЫРАВНИВАНИЕ ПАРЫ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. НАЗОВИТЕ ИНСТРУМЕНТЫ (ПРОГРАММЫ) ВЫРАВНИВАНИЯ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Программа FASTA, BLAST NCBI		100
B.	Reactome		0
C.	GeneMANIA		0
D.	KEGG		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 2

КАК ИЗМЕНЯЕТСЯ НАПОЛНЕННОСТЬ (ОБЪЕМ) МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКИХ БАЗ ДАННЫХ В ПОСЛЕДНИЕ ГОДЫ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

КАК ИЗМЕНЯЕТСЯ НАПОЛНЕННОСТЬ (ОБЪЕМ) МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКИХ БАЗ ДАННЫХ В ПОСЛЕДНИЕ ГОДЫ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Растет экспоненциально, удваиваясь раз в несколько лет		100
B.	Не меняется		0
C.	Убывает		0
D.	Линейно растет, ежегодно увеличиваясь на фиксированную величину		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 20

ПАРНОЕ И МНОЖЕСТВЕННОЕ ВЫРАВНИВАНИЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. ПРОГРАММА МНОЖЕСТВЕННОГО ВЫРАВНИВАНИЯ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПАРНОЕ И МНОЖЕСТВЕННОЕ ВЫРАВНИВАНИЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. ПРОГРАММА МНОЖЕСТВЕННОГО ВЫРАВНИВАНИЯ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	CLUSTALW		100
B.	PubMed		0
C.	Uniprot		0
D.	GeneOntology		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 21

ПОИСК ГОМОЛОГИИ В БАЗАХ ДАННЫХ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В МОДЕЛЬНЫХ ГЕНОМАХ, ОСУЩЕСТВЛЯЕТСЯ С ПОМОЩЬЮ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	BLAST (BLASTN)		100
B.	Uniprot		0
C.	PubMed		0
D.	STRING		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 22

ПОИСК ГОМОЛОГИИ В БАЗАХ ДАННЫХ АМИНОКИСЛОТНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ МОЖЕТ ВЫПОЛНЯТЬСЯ С ПОМОЩЬЮ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Программы BLAST для последовательностей белков, включая варианты программы Psi-BLAST, Gapped-BLAST		100
B.	Ресурс Reactome		0
C.	PubMed		0
D.	CLUSTAL и варианты Clustal Omega, CLUSTALW		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 23

ПОИСК ГОМОЛОГИИ ДЛЯ ПРОТЯЖЕННЫХ ГЕНОМНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ (ТЫСЯЧИ И МИЛЛИОНЫ НУКЛЕОТИДОВ - МЕГАБАЗЫ) ОСУЩЕСТВЛЯЕТСЯ С ПОМОЩЬЮ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПОИСК ГОМОЛОГИИ ДЛЯ ПРОТЯЖЕННЫХ ГЕНОМНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ (ТЫСЯЧИ И МИЛЛИОНЫ НУКЛЕОТИДОВ - МЕГАБАЗЫ) ОСУЩЕСТВЛЯЕТСЯ С ПОМОЩЬЮ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Программы BLAT (BLAST-Like Alignment Tool)		100
B.	GeneMANIA		0
C.	KEGG		0
D.	Uniprot		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 24

В ЧЕМ ОТЛИЧИЕ ГЛОБАЛЬНОГО ВЫРАВНИВАНИЯ ДВУХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДНК ОТ ЛОКАЛЬНОГО?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

В ЧЕМ ОТЛИЧИЕ ГЛОБАЛЬНОГО ВЫРАВНИВАНИЯ ДВУХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДНК ОТ ЛОКАЛЬНОГО?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	В глобальном выравнивании учитываются обе последовательности целиком		100
B.	Глобальное выравнивание помимо двух последовательностей должно использовать весь геном		0
C.	Глобальное выравнивание должно использовать структуру белка (глобулу)		0
D.	Глобальное выравнивание - это невычислимая на локальном персональном компьютере операция, требующая глобальных вычислений		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 25

ПРОГРАММА, ПОЗВОЛЯЮЩАЯ ПОСТРОИТЬ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ДЕРЕВО НА ОСНОВЕ МНОЖЕСТВЕННОГО ВЫРАВНИВАНИЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ЭТО:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПРОГРАММА, ПОЗВОЛЯЮЩАЯ ПОСТРОИТЬ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ДЕРЕВО НА ОСНОВЕ МНОЖЕСТВЕННОГО ВЫРАВНИВАНИЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ЭТО:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	CLUSTAL		100
B.	STRING		0
C.	GeneMANIA		0
D.	KEGG		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 26

ПОСТРОЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ ПО МЕРЕ БЛИЗОСТИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. МЕТОДЫ ПОСТРОЕНИЯ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ ЭТО:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПОСТРОЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ ПО МЕРЕ БЛИЗОСТИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ. МЕТОДЫ ПОСТРОЕНИЯ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ ЭТО:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Метод UPGMA (Метод попарного внутригруппового невзвешенного среднего). Метод объединения соседей (Saitou and Nei, 1987). Метод максимальной парсимонии (Felsenstein, 1988).		100
B.	Поиск в PubMed, Scopus		0
C.	Реконструкция генных сетей STRING, GeneMANIA		0
D.	Поиск доменов в CATH, PFAM		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 27

ПРОГРАММЫ ПОСТРОЕНИЯ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ (С ПОСТРОЕНИЕМ ГРАФИКИ) ЭТО:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПРОГРАММЫ ПОСТРОЕНИЯ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ (С ПОСТРОЕНИЕМ ГРАФИКИ) ЭТО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Tree Plot, Phylogeny.fr (www.phylogeny.fr), PhyML (www.atgc-montpellier.fr), CLUSTAL		100
B.	STRING		0
C.	GeneMANIA		0
D.	UCSC Genome Browser		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 28

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ДЕРЕВО ЭТО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ДЕРЕВО ЭТО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Графическая структура, показывающая близость (эволюционные взаимосвязи) набора объектов, в том числе генов, белков, видов организмов.		100
B.	Вопрос из области ботаники		0
C.	Вопрос из области филологии		0
D.	Строительный материал		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 29

КЛАССИФИКАЦИЯ ПОВТОРОВ ТЕКСТА ПО СТЕПЕНИ СХОДСТВА МОЖЕТ БЫТЬ ВЫПОЛНЕНА ПО СЛЕДУЮЩИМ ГРУППАМ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

КЛАССИФИКАЦИЯ ПОВТОРОВ ТЕКСТА ПО СТЕПЕНИ СХОДСТВА МОЖЕТ БЫТЬ ВЫПОЛНЕНА ПО СЛЕДУЮЩИМ ГРУППАМ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Совершенные и несовершенные (с несовпадениями)		100
B.	Похожие и непохожие		0
C.	Видимые и невидимые		0
D.	Сходящиеся и расходящиеся		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 3

В КАКИХ ИНТЕРНЕТ-ДОСТУПНЫХ БАЗАХ ДАННЫХ МОЖНО ВЫПОЛНЯТЬ ПОИСК НАУЧНОЙ БИМЕДИЦИНСКОЙ ЛИТЕРАТУРЫ ПО ТЕМАТИКЕ, ПО ФАМИЛИЯМ АВТОРОВ?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

В КАКИХ ИНТЕРНЕТ-ДОСТУПНЫХ БАЗАХ ДАННЫХ МОЖНО ВЫПОЛНЯТЬ ПОИСК НАУЧНОЙ БИМЕДИЦИНСКОЙ ЛИТЕРАТУРЫ ПО ТЕМАТИКЕ, ПО ФАМИЛИЯМ АВТОРОВ?			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	PubMed, Google Scholar, Elibrary (РИНЦ)		100
B.	Protein Data Bank		0
C.	Genbank		0
D.	online-database.eu		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 30

КЛАССИФИКАЦИЯ ПОВТОРОВ ТЕКСТА (ГЕНОМНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ) ПО РАСПОЛОЖЕНИЮ В ГЕНОМЕ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Тандемные и диспергированные		100
B.	Круговые		0
C.	Симметричные повторы		0
D.	Диагональные		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 31

КЛАССИФИКАЦИЯ ПОВТОРОВ В ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК С УЧЕТОМ КОМПЛЕМЕНТАРНОЙ ЦЕПИ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Инвертированные и комплементарные повторы, палиндромы		100
B.	Разрозненные		0
C.	Только прямые повторы		0
D.	Уникальные, неуникальные повторы в геноме		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 32

ВЕРОЯТНОСТЬ НАХОЖДЕНИЯ СОВЕРШЕННОГО ПОВТОРА ЗАДАННОЙ ДЛИНЫ В ГЕНОМЕ. МОЖНО ЛИ СЧИТАТЬ УНИКАЛЬНЫМ ПОВТОР ДЛИНЫ 20 НТ В ГЕНОМЕ ЧЕЛОВЕКА? (ОЦЕНИТЬ ПО УРОВНЮ ЗНАЧИМОСТИ ИЗ РАЗМЕРА ГЕНОМА 3 МИЛЛИАРДА НТ, СЧИТАЯ ВСЕ ОСНОВАНИЯ А,Т,Г,С РАВНОВЕРОЯТНЫМИ)			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ВЕРОЯТНОСТЬ НАХОЖДЕНИЯ СОВЕРШЕННОГО ПОВТОРА ЗАДАННОЙ ДЛИНЫ В ГЕНОМЕ. МОЖНО ЛИ СЧИТАТЬ УНИКАЛЬНЫМ ПОВТОР ДЛИНЫ 20 НТ В ГЕНОМЕ ЧЕЛОВЕКА? (ОЦЕНИТЬ ПО УРОВНЮ ЗНАЧИМОСТИ ИЗ РАЗМЕРА ГЕНОМА 3 МИЛЛИАРДА НТ, СЧИТАЯ ВСЕ ОСНОВАНИЯ А,Т,Г,С РАВНОВЕРОЯТНЫМИ)			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Да, такой повтор уникален (с высоким уровнем значимости)		100
B.	Нет, такие совершенные повторы часто встречаются по случайным причинам		0
C.	Нет, такие повторы вообще не встречаются		0
D.	Нет, повторы такого размера бывают, только не в геноме человека		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_33

ОБОБЩЕННЫЕ АЛФАВИТЫ. 15-БУКВЕННЫЙ АЛФАВИТ ДНК IUPAC (INTERNATIONAL UNION OF PURE AND APPLIED CHEMISTRY)			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ОБОБЩЕННЫЕ АЛФАВИТЫ. 15-БУКВЕННЫЙ АЛФАВИТ ДНК IUPAC (INTERNATIONAL UNION OF PURE AND APPLIED CHEMISTRY)			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Обобщенный 15-буквенный алфавит ДНК по номенклатуре IUPAC предназначен для записи групп нуклеотидов и не соответствует записи аминокислотной последовательности		100
B.	Такой алфавит предназначен для записи белков и РНК		0
C.	Запись аминокислотной последовательности белка может быть представлена обобщенным 15-буквенным алфавитом ДНК		0
D.	Запись аминокислотной последовательности уже включает 15-буквенный алфавит ДНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 34

ЗАПИСЬ НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ФУНКЦИОНАЛЬНОГО САЙТА (НАПРИМЕР, САЙТА СВЯЗЫВАНИЯ ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА) ПО ПОЗИЦИЯМ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК МОЖЕТ БЫТЬ ПРЕДСТАВЛЕНА			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ЗАПИСЬ НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ФУНКЦИОНАЛЬНОГО САЙТА (НАПРИМЕР, САЙТА СВЯЗЫВАНИЯ ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА) ПО ПОЗИЦИЯМ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК МОЖЕТ БЫТЬ ПРЕДСТАВЛЕНА			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	В форме весовой матрицы частот нуклеотидов		100
B.	Вторичной структурой РНК		0
C.	Пространственной структурой РНК		0
D.	Аминокислотной последовательностью белка		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_35

НАЗОВИТЕ КОМПЬЮТЕРНЫЕ ПРОГРАММЫ ПОИСКА ПОВТОРОВ В ГЕНОМЕ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

НАЗОВИТЕ КОМПЬЮТЕРНЫЕ ПРОГРАММЫ ПОИСКА ПОВТОРОВ В ГЕНОМЕ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	REPuter, Complexity, TRF (Tandem Repeat Finder)		100
B.	CLUSTAL		0
C.	STRING		0
D.	GeneMANIA		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 36

ЛОГО (ГРАФИЧЕСКОЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЕ) ФУНКЦИОНАЛЬНОГО САЙТА ДНК (НАПРИМЕР, САЙТА СВЯЗЫВАНИЯ ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА) БУКВАМИ РАЗНОГО РАЗМЕРА УЧИТЫВАЕТ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ЛОГО (ГРАФИЧЕСКОЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЕ) ФУНКЦИОНАЛЬНОГО САЙТА ДНК (НАПРИМЕР, САЙТА СВЯЗЫВАНИЯ ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА) БУКВАМИ РАЗНОГО РАЗМЕРА УЧИТЫВАЕТ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Энтропию встречаемости символов в каждой позиции сайта		100
B.	Символы аминокислот		0
C.	Структуру РНК		0
D.	Частоты встречаемости нуклеотидов в гене в целом		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 37

ТЕКСТОВАЯ СЛОЖНОСТЬ НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ЗАВИСИТ ОТ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ТЕКСТОВАЯ СЛОЖНОСТЬ НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ЗАВИСИТ ОТ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Насыщенности текста повторами внутри данной последовательности		100
B.	Структуры белка		0
C.	Структуры хромосомы		0
D.	Множественного выравнивания данной последовательности с другими последовательностями		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 38

ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ АННОТАЦИЯ ГЕНОВ. ЗАПИСЬ СТРУКТУРЫ ГЕНА В КАРТОЧКЕ БАНКА ДАННЫХ (GENBANK) ВКЛЮЧАЕТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ АННОТАЦИЯ ГЕНОВ. ЗАПИСЬ СТРУКТУРЫ ГЕНА В КАРТОЧКЕ БАНКА ДАННЫХ (GENBANK) ВКЛЮЧАЕТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Нетранслируемые последовательности (НТР), экзоны, интроны, сайты сплайсинга данного гена		100
B.	Генные сети		0
C.	Трехмерные структуры белка		0
D.	Структуру РНК данного гена		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 39

ПРОГРАММЫ ПРЕДСКАЗАНИЯ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК ВКЛЮЧАЮТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПРОГРАММЫ ПРЕДСКАЗАНИЯ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК ВКЛЮЧАЮТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	RNAfold, MFold, RNAstructure, ViennaRNA		100
B.	CLUSTAL		0
C.	STRING		0
D.	GeneMANIA		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 4

В КАКИХ БАЗАХ ДАННЫХ МОЖНО УЗНАТЬ ЧИСЛО ЦИТИРОВАНИЙ ЗАДАННОЙ НАУЧНОЙ ПУБЛИКАЦИИ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	PubMed, Scopus		100
B.	Genbank, EMBL		0
C.	DAVID gene ontology		0
D.	Protein Data Bank		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_40

ПАКЕТ ПРОГРАММ ДЛЯ АНАЛИЗА СТРУКТУР РНК VIENNARNAPACKAGE ПО НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВЫПОЛНЯЕТ ЗАДАЧИ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Предсказания вторичной структуры РНК, с вычислением термодинамических параметров		100
B.	Определения экзон-интронной структуры гена		0
C.	Определения функции белка		0
D.	Определения структуры белка		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_41

ЭЛЕМЕНТЫ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК, КОТОРЫЕ МОГУТ БЫТЬ ПРЕДСКАЗАНЫ КОМПЬЮТЕРНЫМИ ПРОГРАММАМИ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ЭЛЕМЕНТЫ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК, КОТОРЫЕ МОГУТ БЫТЬ ПРЕДСКАЗАНЫ КОМПЬЮТЕРНЫМИ ПРОГРАММАМИ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Шпильки (комплементарные участки РНК) и петли		100
B.	Альфа-спирали и бета-нити		0
C.	Домены белка		0
D.	Квадруплексы ДНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 42

РАСЧЕТ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК ДЛЯ ДАННОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ЗАВИСИТ ОТ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

РАСЧЕТ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК ДЛЯ ДАННОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ЗАВИСИТ ОТ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Комплементарных повторов в нуклеотидной последовательности		100
B.	Структуры белка		0
C.	Функции белка		0
D.	Повторов данной последовательности в геноме		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_43

КАКАЯ ИЗ ПРОГРАММ НЕ ЯВЛЯЕТСЯ ПРОГРАММОЙ ПРЕДСКАЗАНИЯ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ РНК			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	BLAST		100
B.	ViennaRNA		0
C.	RNAfold		0
D.	RNAz server		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_44

БАЗЫ ДАННЫХ СТРУКТУРНОЙ И ФУНКЦИОНАЛЬНОЙ АННОТАЦИИ БЕЛКОВ ВКЛЮЧАЮТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	SWISS-PROT, UniProt (Universal Protein Resource)		100
B.	dbSNP		0
C.	OMIM		0
D.	GeneMANIA		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_45

ОСНОВНЫЕ ЭЛЕМЕНТЫ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА -			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ОСНОВНЫЕ ЭЛЕМЕНТЫ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА -			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Альфа-спирали, бета-нити и петли		100
B.	Повторы текста аминокислотной последовательности		0
C.	Комплементарные участки ДНК		0
D.	Шпильки РНК, транслируемой в белок		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_46

ПРЕДСКАЗАНИЕ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО АМИНОКИСЛОТНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ. ОСНОВНЫЕ МЕТОДЫ ЭТО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПРЕДСКАЗАНИЕ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО АМИНОКИСЛОТНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ. ОСНОВНЫЕ МЕТОДЫ ЭТО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Поиск гомологии, частоты аминокислот, решающие правила, нейронные сети		100
B.	Предсказание по вторичной структуре РНК		0
C.	Предсказание по структуре геномной сети		0
D.	Предсказание по повторам в кодирующей белок ДНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_47

ВОЗМОЖНА СЛЕДУЮЩАЯ КЛАССИФИКАЦИЯ СТРУКТУР (ДОМЕНОВ) БЕЛКОВ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ВОЗМОЖНА СЛЕДУЮЩАЯ КЛАССИФИКАЦИЯ СТРУКТУР (ДОМЕНОВ) БЕЛКОВ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	САТН – структурное выравнивание + выравнивание последовательностей (полуавтоматическая) SCOP – экспертная классификация структур + последовательностей		100
B.	Классификация по нуклеотидным последовательностям		0
C.	Классификация по РНК		0
D.	Классификация по лигандам, связывающимся с белком		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 48

КЛАССИФИКАЦИЯ СТРУКТУР БЕЛКОВ ПО ТРЕТИЧНОЙ СТРУКТУРЕ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

КЛАССИФИКАЦИЯ СТРУКТУР БЕЛКОВ ПО ТРЕТИЧНОЙ СТРУКТУРЕ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Глобулярные белки имеют основные суперклассы: альфа-спиральные, бета-структурные, смешанные.		100
B.	Классификация белков по структурам ДНК		0
C.	Классификация белков по структурам РНК		0
D.	Суперклассов структур нет		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_49

МОДЕЛИРОВАНИЕ ТРЕХМЕРНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО АМИНОКИСЛОТНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВОЗМОЖНО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

МОДЕЛИРОВАНИЕ ТРЕХМЕРНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО АМИНОКИСЛОТНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВОЗМОЖНО			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	По гомологии с известными трехмерными структурами белка из PDB. Возможно моделирование de novo на основе предсказания вторичной структуры и затем укладки в трехмерном пространстве		100
B.	Моделирование трехмерной структуры вообще невозможно		0
C.	Только по вторичной структуре РНК		0
D.	По повторам в ДНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_5

БАЗЫ ДАННЫХ И РЕСУРСЫ ДЛЯ АНАЛИЗА ГЕННЫХ СЕТЕЙ. В КАКИХ БАЗАХ ДАННЫХ МОЖНО ПО СПИСКУ ГЕНОВ РЕКОНСТРУИРОВАТЬ ГЕННУЮ СЕТЬ И ВЫПОЛНИТЬ ВИЗУАЛИЗАЦИЮ ГЕННОЙ СЕТИ В ГРАФИЧЕСКОМ ФОРМАТЕ?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗЫ ДАННЫХ И РЕСУРСЫ ДЛЯ АНАЛИЗА ГЕННЫХ СЕТЕЙ. В КАКИХ БАЗАХ ДАННЫХ МОЖНО ПО СПИСКУ ГЕНОВ РЕКОНСТРУИРОВАТЬ ГЕННУЮ СЕТЬ И ВЫПОЛНИТЬ ВИЗУАЛИЗАЦИЮ ГЕННОЙ СЕТИ В ГРАФИЧЕСКОМ ФОРМАТЕ?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	GeneMANIA		100
B.	Protein Data Bank		0
C.	Genbank		0
D.	PubMed		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 50

МОДЕЛИРОВАНИЕ ТРЕХМЕРНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО ГОМОЛОГИИ ЭТО			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

МОДЕЛИРОВАНИЕ ТРЕХМЕРНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО ГОМОЛОГИИ ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Реконструкция трехмерных координат с использованием известной структуры близкого по последовательности белка в качестве шаблона		100
B.	Определение последовательности белка по тРНК		0
C.	Предсказание вторичной структуры белка без данных о других белках		0
D.	Исследование сети белок-белковых взаимодействий		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_51

ЧТО ЯВЛЯЕТСЯ НЕОБХОДИМОЙ ОСНОВОЙ ПРИ МОДЕЛИРОВАНИИ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО ГОМОЛОГИИ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ЧТО ЯВЛЯЕТСЯ НЕОБХОДИМОЙ ОСНОВОЙ ПРИ МОДЕЛИРОВАНИИ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ПО ГОМОЛОГИИ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Правильное парное выравнивание целевой последовательности на последовательность белка-шаблона		100
B.	Выравнивание вторичных структур РНК		0
C.	Предсказание вторичной структуры белка		0
D.	Научные публикации в PubMed		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_52

КОНЦЕПЦИЯ ГЕННОЙ СЕТИ (ОПРЕДЕЛЕНИЕ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

КОНЦЕПЦИЯ ГЕННОЙ СЕТИ (ОПРЕДЕЛЕНИЕ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Генная сеть - комплекс взаимодействующих макромолекул - ДНК, РНК, белков и метаболитов		100
B.	Генная сеть - это сеть родственников		0
C.	Социальная сеть		0
D.	Сеть молекулярных объектов, связанных ковалентно друг с другом		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_53

ТЕОРЕТИКО-ГРАФИЧЕСКОЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЕ ГЕННОЙ СЕТИ В ВИДЕ ДЕРЕВА - УЗЛЫ И СВЯЗИ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ТЕОРЕТИКО-ГРАФИЧЕСКОЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЕ ГЕННОЙ СЕТИ В ВИДЕ ДЕРЕВА - УЗЛЫ И СВЯЗИ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Узлами (точками) являются макромолекулы (белки, ДНК), связями - любые взаимодействия между ними		100
B.	Узлами генной сети обозначаются только химические реакции		0
C.	Узлами сети обозначаются домены белков		0
D.	Узлами сети обозначаются повторы текста последовательностей генов		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_54

РЕКОНСТРУКЦИЯ ГЕННОЙ СЕТИ В ДАННОМ ОРГАНИЗМЕ ДЛЯ НАБОРА ГЕНОВ ВОЗМОЖНА ПО:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

РЕКОНСТРУКЦИЯ ГЕННОЙ СЕТИ В ДАННОМ ОРГАНИЗМЕ ДЛЯ НАБОРА ГЕНОВ ВОЗМОЖНА ПО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Реконструкция геномной сети в данном организме для набора генов возможна по: гомологии с геномной сетью, известной для других организмов (например, человек и мышь, лабораторные животные)		100
B.	Реконструкция возможна по нуклеотидным последовательностям самих генов		0
C.	Реконструкция геномной сети возможна по структурам доменов белков		0
D.	По вторичным структурам РНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 55

РЕКОНСТРУКЦИЯ ГЕННОЙ СЕТИ (В ЧАСТНОСТИ В СИСТЕМЕ STRING-DB) ПО НАБОРУ ГЕНОВ (БЕЛКОВ) МОЖЕТ ПРОХОДИТЬ НА ОСНОВЕ СЛЕДУЮЩИХ ДАННЫХ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

РЕКОНСТРУКЦИЯ ГЕННОЙ СЕТИ (В ЧАСТНОСТИ В СИСТЕМЕ STRING-DB) ПО НАБОРУ ГЕНОВ (БЕЛКОВ) МОЖЕТ ПРОХОДИТЬ НА ОСНОВЕ СЛЕДУЮЩИХ ДАННЫХ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	по ко-экспрессии (коррелированной экспрессии генов), по экспериментальным данным белок-белковых взаимодействий, по ассоциациям (совместной встречаемости в научных публикациях)		100
B.	по нуклеотидным последовательностям генов		0
C.	по множественному выравниванию последовательностей		0
D.	по трехмерной структуре белка		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 56

ГЕННАЯ СЕТЬ В ОБЩЕМ СЛУЧАЕ - ЭТО ГРАФИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА, ПОКАЗЫВАЮЩАЯ ДЛЯ НАБОРА ГЕНОВ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ГЕННАЯ СЕТЬ В ОБЩЕМ СЛУЧАЕ - ЭТО ГРАФИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА, ПОКАЗЫВАЮЩАЯ ДЛЯ НАБОРА ГЕНОВ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Взаимодействия генов и их продуктов		100
B.	Структуру РНК последовательностей генов		0
C.	Структуру белков, кодируемых этими генами		0
D.	Структуру классов онтологий		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_57

ТИПЫ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ МЕЖДУ ГЕНАМИ (БЕЛКАМИ) В ГЕННОЙ СЕТИ МОГУТ ВКЛЮЧАТЬ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ТИПЫ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ МЕЖДУ ГЕНАМИ (БЕЛКАМИ) В ГЕННОЙ СЕТИ МОГУТ ВКЛЮЧАТЬ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Ферментативные взаимодействия Регуляторные взаимодействия (регуляция экспрессии гена транскрипционным фактором)		100
B.	Контакты между авторами научных публикаций об этих генах		0
C.	Множественное выравнивание последовательностей генов		0
D.	Множественное выравнивание аминокислотных последовательностей белков в генной сети		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_58

БАЗЫ ДАННЫХ И РЕСУРСЫ ГЕННЫХ СЕТЕЙ, ПРЕДСТАВЛЯЮЩИЕ СТАТИЧЕСКУЮ ИНФОРМАЦИЮ (РИСУНОК СЕТИ НА ЭКРАНЕ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗЫ ДАННЫХ И РЕСУРСЫ ГЕННЫХ СЕТЕЙ, ПРЕДСТАВЛЯЮЩИЕ СТАТИЧЕСКУЮ ИНФОРМАЦИЮ (РИСУНОК СЕТИ НА ЭКРАНЕ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	GeneNet, KEGG, Reactome		100
B.	dbSNP		0
C.	Genome Browser		0
D.	BLAST		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 59

РЕСУРСЫ ГЕННЫХ СЕТЕЙ, ДАЮЩИЕ ВОЗМОЖНОСТЬ ДИНАМИЧЕСКОГО РЕДАКТИРОВАНИЯ (ПЕРЕРИСОВКА СЕТИ НА ЭКРАНЕ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	GeneMANIA, STRING, GeneGo, Cytoscape		100
B.	DAVID, PANTHER		0
C.	Uniprot, PDB		0
D.	KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 6

БАЗЫ ДАННЫХ О МУТАЦИЯХ И НУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМАХ В ГЕНОМЕ ЧЕЛОВЕКА:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	dbSNP, Human Gene Mutation Database		100
B.	Plant Genome Research Outreach Portal (PGROP)		0
C.	Citi-Bank		0
D.	Reactome.org		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 60

ПОНЯТИЕ ГЕННЫХ ОНТОЛОГИЙ. В ГРУППЫ КАТЕГОРИЙ ОНТОЛОГИЙ ВХОДЯТ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПОНЯТИЕ ГЕННЫХ ОНТОЛОГИЙ. В ГРУППЫ КАТЕГОРИЙ ОНТОЛОГИЙ ВХОДЯТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Клеточные компартменты, молекулярные функции, биологические процессы		100
B.	Выравнивание последовательностей		0
C.	Молекулярный вес макромолекул		0
D.	Фамилии авторов научных публикаций о генах		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_61

МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНСОРЦИУМ GO (ГЕННЫХ ОНТОЛОГИЙ) ВКЛЮЧАЕТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНСОРЦИУМ GO (ГЕННЫХ ОНТОЛОГИЙ) ВКЛЮЧАЕТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Gene Ontology knowledgebase - geneontology.org		100
B.	Uniprot, PDB		0
C.	Банки данных KEGG, DDBJ		0
D.	Программы парного и множественного выравнивания последовательностей		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_62

ОН-ЛАЙН ИНСТРУМЕНТЫ АНАЛИЗА ГЕННЫХ ОНТОЛОГИЙ ВКЛЮЧАЮТ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	AmiGO, DAVID, PANTHER		100
B.	Uniprot, PDB		0
C.	Программы REPuter, Complexity		0
D.	BLAST		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_63

ПРОГРАММЫ РАСЧЕТА КАТЕГОРИЙ ГЕННЫХ ОНТОЛОГИЙ ДЛЯ НАБОРА ГЕНОВ ВКЛЮЧАЮТ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	GOEAST, GOST, WEGO, GORILLA, AgriGO, EasyGO		100
B.	PubMed		0
C.	UCSC Genome Browser		0
D.	KEGG, DDBJ		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_64

ПОЧЕМУ СТАТИЧЕСКАЯ ЗНАЧИМОСТЬ КАТЕГОРИЙ ОНТОЛОГИЙ ДЛЯ ОДНОГО И ТОГО ЖЕ СПИСКА ГЕНОВ В ИНСТРУМЕНТАХ АНАЛИЗА DAVID И PANTHER?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПОЧЕМУ СТАТИЧЕСКАЯ ЗНАЧИМОСТЬ КАТЕГОРИЙ ОНТОЛОГИЙ ДЛЯ ОДНОГО И ТОГО ЖЕ СПИСКА ГЕНОВ В ИНСТРУМЕНТАХ АНАЛИЗА DAVID И PANTHER?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Зависит от базы данных аннотированных онтологий генов внутри данного ресурса		100
B.	Зависит от времени запуска программы		0
C.	Зависит от типа компьютера, с которого осуществляется доступ в интернет		0
D.	Зависит от интернет-браузера		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_65

НЕОБХОДИМА ЛИ ПОПРАВКА НА МНОЖЕСТВЕННОСТЬ ГИПОТЕЗ (НАПРИМЕР, БОНФЕРРОНИ, БЕНДЖАМИНИ-ХОХБЕРГА) ПРИ АНАЛИЗЕ БОЛЬШОГО ЧИСЛА КАТЕГОРИЙ ОНТОЛОГИЙ ДЛЯ СПИСКА ГЕНОВ (НАПРИМЕР, В ИНСТРУМЕНТАХ DAVID, PANTHER)?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

НЕОБХОДИМА ЛИ ПОПРАВКА НА МНОЖЕСТВЕННОСТЬ ГИПОТЕЗ (НАПРИМЕР, БОНФЕРРОНИ, БЕНДЖАМИНИ-ХОХБЕРГА) ПРИ АНАЛИЗЕ БОЛЬШОГО ЧИСЛА КАТЕГОРИЙ ОНТОЛОГИЙ ДЛЯ СПИСКА ГЕНОВ (НАПРИМЕР, В ИНСТРУМЕНТАХ DAVID, PANTHER)?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Да, поправка нужна для статистически корректной оценки		100
B.	Поправка не нужна, зависит от типа компьютера		0
C.	Поправка не нужна, зависит от интернет-браузера		0
D.	Поправка не нужна, зависит от времени запуска программы		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_66

ЗАДАЧИ БИОИНФОРМАТИКИ, ТРЕБУЮЩИЕ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫХ КОМПЬЮТЕРНЫХ ВЫЧИСЛЕНИЙ (РАСПАРАЛЛЕЛИВАНИЯ):			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ЗАДАЧИ БИОИНФОРМАТИКИ, ТРЕБУЮЩИЕ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫХ КОМПЬЮТЕРНЫХ ВЫЧИСЛЕНИЙ (РАСПАРАЛЛЕЛИВАНИЯ):			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Задачи структурного сравнения белков. Задачи молекулярной динамики.		100
B.	Просмотр текстовой карточки данных гена		0
C.	Просмотр научной литературы в PubMed		0
D.	Парное выравнивание коротких последовательностей		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_67

ЗАДАЧА АНАЛИЗА НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ, ТРЕБУЮЩАЯ БОЛЬШЕГО ВРЕМЕНИ РАСЧЕТОВ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ЗАДАЧА АНАЛИЗА НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ, ТРЕБУЮЩАЯ БОЛЬШЕГО ВРЕМЕНИ РАСЧЕТОВ			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			a
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Множественное выравнивание последовательностей		100
B.	Парное выравнивание последовательностей		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос_68

ДАННЫЕ СЕКВЕНИРОВАНИЯ. ИНФОРМАЦИЯ О ПРОФИЛЯХ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ (НА ВЫБОРКАХ ПАЦИЕНТОВ ИЛИ КУЛЬТУР КЛЕТОК) ХРАНИТСЯ В			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			a
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Архив GEO (Gene Expression Omnibus) NCBI		100
B.	UniProt		0
C.	SBERBANK		0
D.	PDB		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 69

ЗАДАЧИ КОМПЬЮТЕРНОЙ ГЕНОМИКИ. ТЕХНОЛОГИЯ CHIP-SEQ ПРЕДНАЗНАЧЕНА ДЛЯ:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Определения сайтов связывания белков в геноме		100
B.	Поиска литературной информации о гене		0
C.	Исследования трехмерной структуры белка		0
D.	Популяционно-генетических исследований		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 7

БАЗЫ И БАНКИ ДАННЫХ НАСЛЕДСТВЕННОЙ ИНФОРМАЦИИ О ЗАБОЛЕВАНИЯХ ЧЕЛОВЕКА:			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗЫ И БАНКИ ДАННЫХ НАСЛЕДСТВЕННОЙ ИНФОРМАЦИИ О ЗАБОЛЕВАНИЯХ ЧЕЛОВЕКА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	OMIM, GeneCards		100
B.	GeneMANIA		0
C.	SBERBANK		0
D.	Protein Data Bank		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_70

ЭПИГЕНЕТИЧЕСКИЕ МОДИФИКАЦИИ ГИСТОНОВ (МЕТИЛИРОВАНИЕ, АЦЕТИЛИРОВАНИЕ) В МАСШТАБЕ ГЕНОМА МОГУТ БЫТЬ ОПРЕДЕЛЕНЫ С ПОМОЩЬЮ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ЭПИГЕНЕТИЧЕСКИЕ МОДИФИКАЦИИ ГИСТОНОВ (МЕТИЛИРОВАНИЕ, АЦЕТИЛИРОВАНИЕ) В МАСШТАБЕ ГЕНОМА МОГУТ БЫТЬ ОПРЕДЕЛЕНЫ С ПОМОЩЬЮ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	С помощью технологии ChIP-seq через определение связывания модифицированных гистонов и геномное секвенирование		100
B.	С помощью множественного выравнивания генов в геноме		0
C.	С помощью предсказания вторичных структур РНК		0
D.	С помощью анализа пространственных структур белков-гистонов		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_71

ГЕНОМНЫЕ БРАУЗЕРЫ ЭТО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ГЕНОМНЫЕ БРАУЗЕРЫ ЭТО:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Ensembl, UCSC Genome Browser		100
B.	Uniprot, SCOP		0
C.	PDB, SWISS-PROT		0
D.	Ресурс BioGPS		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_72

ГЕНОМНЫЙ БРАУЗЕР UCSC GENOME BROWSER. ПРИМЕНЕНИЯ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Возможно использование этого ресурса для составления выборок нуклеотидных последовательностей заданных генов (Table Browser)		100
B.	Для реконструкции геновой сети		0
C.	Для визуализации геновой сети		0
D.	Для оценки категорий геновых онтологий		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_73

ГЕНОМНЫЙ БРАУЗЕР ПОЗВОЛЯЕТ ДЛЯ ДАННОГО УЧАСТКА ХРОМОСОМЫ (ГЕНА) РАССМОТРЕТЬ:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Структуру гена, варианты альтернативного сплайсинга, мРНК		100
B.	Вторичную структуру РНК		0
C.	Структуру белка		0
D.	Структуру геновой сети		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_74

ГЕНОМНЫЙ БРАУЗЕР ДЛЯ ЗАДАННОГО УЧАСТКА ХРОМОСОМЫ ПОЗВОЛЯЕТ (НА ПРИМЕРЕ UCSC GENOME BROWSER)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ГЕНОМНЫЙ БРАУЗЕР ДЛЯ ЗАДАННОГО УЧАСТКА ХРОМОСОМЫ ПОЗВОЛЯЕТ (НА ПРИМЕРЕ UCSC GENOME BROWSER)			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Построить визуализацию профилей ChIP-seq (линейный профиль)		100
B.	Рассчитать трехмерную структуру белка		0
C.	Показать трехмерную структуру хромосомы		0
D.	Построить визуализацию вторичных структур РНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_75

В КАКИХ БАЗАХ ДАННЫХ ЕСТЬ ИНФОРМАЦИЯ О ТКАНЕСПЕЦИФИЧНОЙ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

В КАКИХ БАЗАХ ДАННЫХ ЕСТЬ ИНФОРМАЦИЯ О ТКАНЕСПЕЦИФИЧНОЙ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	BioGPS, GEO NCBI (Profiles), GeneCards		100
B.	PubMed		0
C.	SberBank		0
D.	UniProt		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)			

Основы биоинформатики Вопрос 76

ПРЕДСТАВЛЕНА ЛИ ИНФОРМАЦИЯ О КЛИНИЧЕСКИ ЗНАЧИМЫХ ВАРИАНТАХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНОМА ЧЕЛОВЕКА (SNP, OMIM, HUMAN GENOME MUTATION DATABASE) В ГЕНОМНОМ БРАУЗЕРЕ UCSC?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПРЕДСТАВЛЕНА ЛИ ИНФОРМАЦИЯ О КЛИНИЧЕСКИ ЗНАЧИМЫХ ВАРИАНТАХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНОМА ЧЕЛОВЕКА (SNP, OMIM, HUMAN GENOME MUTATION DATABASE) В ГЕНОМНОМ БРАУЗЕРЕ UCSC?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Да, представлена, в виде аннотационных профилей (треков)		100
B.	Такой информации там нет		0
C.	Информация представлена только без визуализации		0
D.	Информация недоступна, только общая графика		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_77

УРОВЕНЬ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА (КОЛИЧЕСТВО КОПИЙ ТРАНСКРИПТОВ С УЧАСТКА ГЕНА) МОЖЕТ БЫТЬ ОПРЕДЕЛЕН			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

УРОВЕНЬ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА (КОЛИЧЕСТВО КОПИЙ ТРАНСКРИПТОВ С УЧАСТКА ГЕНА) МОЖЕТ БЫТЬ ОПРЕДЕЛЕН			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	С помощью технологии RNA-seq и представлен в форме профиля в геномном браузере		100
B.	С помощью множественного выравнивания различных генов		0
C.	С помощью предсказания структуры белка		0
D.	С помощью предсказания структуры РНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_78

ПЕРВИЧНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ БЕЛКОВ – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПЕРВИЧНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ БЕЛКОВ – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Аминокислотная последовательность белка		100
B.	Совокупность α -спиралей и β -нитей одного белка		0
C.	Совокупность белковых глобул		0
D.	Последовательность нуклеотидов, входящих в состав кодирующей части гена		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_79

К ЭЛЕМЕНТАМ ВТОРИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА ОТНОСЯТСЯ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Альфа-спирали, бета-нити		100
B.	Глобулы		0
C.	Домены		0
D.	Аминокислоты		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 8

ПРЕДСТАВЛЕНИЕ ИНФОРМАЦИИ О НУКЛЕОТИДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ В БАНКАХ ДАННЫХ. ХРАНИТСЯ ЛИ ИНФОРМАЦИЯ В КАРТОЧКАХ ГЕНОВ В БАНКАХ ДАННЫХ GENBANK И EMBL В ТЕКСТОВОМ ВИДЕ?			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Да, исходным является текстовый формат, до 80 символов в строку, удобный для чтения человеком		100
B.	Информации о гене в карточке нет		0
C.	Информация о гене в карточке есть, но только в графическом формате		0
D.	Информация о гене в карточке есть только в бинарном, машинно-читаемом формате		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 80

GENBANK – ЭТО			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

GENBANK – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	База данных, содержащая аннотированные последовательности ДНК и РНК, поддерживаемая Национальным центром биотехнологической информации США (NCBI) и доступная исследователям всего мира		100
B.	База данных последовательностей белков, доступная для всех пользователей		0
C.	База данных по семействам белков		0
D.	Банк данных 3D структур белков и нуклеиновых кислот, полученных экспериментальными методами		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_81

UNIPROT – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

UNIPROT – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	База данных последовательностей белков, и их функциональной аннотации, доступная для всех пользователей		100
B.	База данных отдельных семейств и доменов белков		0
C.	База данных, содержащая аннотированные последовательности ДНК и РНК		0
D.	Банк данных 3D структур белков и нуклеиновых кислот, полученных экспериментальными методами		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_82

PFAM (HTTPS://PFAM.XFAM.ORG) – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

PFAM (HTTPS://PFAM.XFAM.ORG) – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	База данных по семействам белков (protein families) и их доменах		100
B.	База данных только аминокислотных последовательностей белков, доступная для всех пользователей		0
C.	База данных, содержащая аннотированные последовательности ДНК и РНК, поддерживаемая Национальным центром биотехнологической информации США		0
D.	Банк данных только 3D структур белков и нуклеиновых кислот, полученных экспериментальными методами		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_83

PDB (PROTEIN DATA BANK) – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

PDB (PROTEIN DATA BANK) – ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Банк данных 3D структур белков и нуклеиновых кислот, полученных экспериментальными методами		100
B.	База данных аминокислотных последовательностей белков		0
C.	База данных по отдельным семействам и доменам белков		0
D.	База данных, содержащая аннотацию последовательностей ДНК и РНК		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_84

БАЗЫ ДАННЫХ БИОИНФОРМАТИКИ. В АРХИВНЫХ БАЗАХ ДАННЫХ (НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗЫ ДАННЫХ БИОИНФОРМАТИКИ. В АРХИВНЫХ БАЗАХ ДАННЫХ (НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	За содержание каждой записи отвечает её автор-экспериментатор		100
B.	За содержание записей отвечают специальные люди — кураторы		0
C.	Записи генерируются компьютерными программами		0
D.	За содержание каждой записи отвечает министр образования		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_85

БАЗЫ ДАННЫХ БИОИНФОРМАТИКИ. В КУРИРУЕМЫХ БАЗАХ ДАННЫХ (БАНКАХ ДАННЫХ).			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗЫ ДАННЫХ БИОИНФОРМАТИКИ. В КУРИРУЕМЫХ БАЗАХ ДАННЫХ (БАНКАХ ДАННЫХ).			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	За содержание записей отвечают специальные люди — кураторы		100
B.	За содержание каждой записи отвечает её автор-экспериментатор		0
C.	Записи генерируются компьютерными программами		0
D.	За содержание каждой записи отвечает министр образования и науки		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_86

БАЗЫ ДАННЫХ БИОИНФОРМАТИКИ. В АВТОМАТИЧЕСКИХ (ПРОИЗВОДНЫХ) БАЗАХ ДАННЫХ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗЫ ДАННЫХ БИОИНФОРМАТИКИ. В АВТОМАТИЧЕСКИХ (ПРОИЗВОДНЫХ) БАЗАХ ДАННЫХ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Записи генерируются компьютерными программами, со ссылкой на источник или методику расчета		100
B.	За содержание записей отвечают специальные люди — кураторы		0
C.	За содержание каждой записи отвечает её автор-экспериментатор		0
D.	За содержание каждой записи отвечает министр образования		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_87

ПАКЕТ BLAST— ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ПАКЕТ BLAST— ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Семейство компьютерных программ, служащих для поиска гомологов белков или нуклеиновых кислот по последовательности		100
B.	Компьютерная программа, предназначенная для визуализации молекул и используемая для изучения и получения изображений пространственных структур		0
C.	Графический редактор химических формул и реакций		0
D.	Программа для работы с электронными таблицами, предоставляющая возможности экономико-статистических расчетов		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 88

МОЕ (MOLECULAR OPERATING ENVIRONMENT) — ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

MOE (MOLECULAR OPERATING ENVIRONMENT) — ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Компьютерная программа, предназначенная для визуализации молекул и их детального изучения, а также моделирования структур молекул и взаимодействия между молекулами		100
B.	Компьютерная программа, предназначенная только для визуализации молекул и получения графических изображений онлайн		0
C.	Графический редактор химических формул и реакций		0
D.	Семейство компьютерных программ, служащих для поиска гомологов белков или нуклеиновых кислот, по последовательности		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос 89

КАКИЕ АТОМЫ ВСТРЕЧАЮТСЯ В СТРУКТУРАХ БЕЛКОВ (ХИМИЧЕСКИЕ ЭЛЕМЕНТЫ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

КАКИЕ АТОМЫ ВСТРЕЧАЮТСЯ В СТРУКТУРАХ БЕЛКОВ (ХИМИЧЕСКИЕ ЭЛЕМЕНТЫ)			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	H, C, N, O, S		100
B.	H, C, Na, O, S		0
C.	He, C, N, O, P		0
D.	H, Ca, Na, O, S		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 9

В КАКОМ НАУЧНОМ ЖУРНАЛЕ ЕЖЕГОДНО ПРЕДСТАВЛЕНА ТЕКУЩАЯ ОБЗОРНАЯ ИНФОРМАЦИЯ ПО СПЕЦИАЛИЗИРОВАННЫМ БАЗАМ ДАННЫХ ДНК, РНК И БЕЛКОВ, МЕТАГЕНОМНЫМ ПРОЕКТАМ?			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Nucleic Acids Research, первый номер за каждый год		100
B.	В журнале Nature		0
C.	В журнале Playboy		0
D.	В журнале Генетика		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_90

КАКИЕ АТОМЫ ВСТРЕЧАЮТСЯ В СТРУКТУРАХ ДНК (ХИМИЧЕСКИЕ ЭЛЕМЕНТЫ)			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	H, C, N, O, P		100
B.	H, Ca, N, O, S		0
C.	H, C, Na, O, S		0
D.	H, Ca, Na, O, S		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_91

БАЗА ДАННЫХ OMIM (ONLINE MENDELIAN INHERITANCE IN MAN) - ЭТО			MC
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗА ДАННЫХ OMIM (ONLINE MENDELIAN INHERITANCE IN MAN) - ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Курируемая база данных генов, связанных с наследственными заболеваниями человека		100
B.	База данных всех известных генов человека		0
C.	База данных вторичных структур РНК		0
D.	Банк данных экспрессии генов на микрочипах		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_92

ФОРМАТ ЗАПИСИ БАНКА ДАННЫХ PDB ВКЛЮЧАЕТ ДЛЯ ЗАДАННОГО БЕЛКА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ФОРМАТ ЗАПИСИ БАНКА ДАННЫХ PDB ВКЛЮЧАЕТ ДЛЯ ЗАДАННОГО БЕЛКА:			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Координаты в трехмерном пространстве для всех атомов аминокислотных остатков в данном белке в текстовом формате		100
B.	Вторичную структуру РНК в графическом формате		0
C.	Только аминокислотную последовательность		0
D.	Нуклеотидную последовательность кодирующего данный белок гена		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_93

ФОРМАТ ЗАПИСИ КАРТОЧКИ БАНКА ДАННЫХ GENBANK ВКЛЮЧАЕТ В СЕБЯ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ФОРМАТ ЗАПИСИ КАРТОЧКИ БАНКА ДАННЫХ GENBANK ВКЛЮЧАЕТ В СЕБЯ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Нуклеотидную последовательность и известную аннотацию (разметку кодирующих частей гена, функциональных сайтов) в текстовом формате		100
B.	Бинарный код программы для визуализации трехмерной структуры		0
C.	Только нуклеотидную последовательность без аннотации и разметки		0
D.	Только название и идентификатор гена без нуклеотидной последовательности		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_94

ФОРМАТ ЗАПИСИ FASTA ДЛЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВКЛЮЧАЕТ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ФОРМАТ ЗАПИСИ FASTA ДЛЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ВКЛЮЧАЕТ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Строку комментария, начинающуюся со знака «больше» и со следующей строки последовательность в текстовом виде (нуклеотидная или аминокислотная)		100
B.	Только название гена (последовательности)		0
C.	Только аминокислотную или нуклеотидную последовательность (без идентификатора)		0
D.	Функциональную аннотацию гена с цифровой разметкой участков последовательности		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_95

В КАКОМ НАУЧНОМ ЖУРНАЛЕ ЕЖЕГОДНО ПРЕДСТАВЛЕНА ТЕКУЩАЯ ОБЗОРНАЯ ИНФОРМАЦИЯ ПО ОН-ЛАЙН ПРОГРАММАМ И ВЕБ-СЕРВЕРАМ БИОИНФОРМАТИКИ?			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?:			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

В КАКОМ НАУЧНОМ ЖУРНАЛЕ ЕЖЕГОДНО ПРЕДСТАВЛЕНА ТЕКУЩАЯ ОБЗОРНАЯ ИНФОРМАЦИЯ ПО ОН-ЛАЙН ПРОГРАММАМ И ВЕБ-СЕРВЕРАМ БИОИНФОРМАТИКИ?			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Nucleic Acids Research, летний номер за каждый год		100
B.	В журнале «Генетика»		0
C.	В журнале «Лучшие компьютерные игры»		0
D.	В журнале Game Studies		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_96

БАЗА ДАННЫХ DBSNP (THE SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM DATABASE) СОДЕРЖИТ ИНФОРМАЦИЮ, ВКЛЮЧАЮЩУЮ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

БАЗА ДАННЫХ DBSNP (THE SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM DATABASE) СОДЕРЖИТ ИНФОРМАЦИЮ, ВКЛЮЧАЮЩУЮ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Однонуклеотидные замены (полиморфизмы) в геноме человека		100
B.	Вторичные структуры РНК		0
C.	Пространственные структуры белка		0
D.	Персональные геномные данные		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос 97

РЕСУРС KEGG СОДЕРЖИТ ИНФОРМАЦИЮ, ВКЛЮЧАЮЩУЮ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Метаболические пути и пути передачи сигнала		100
B.	Вторичные структуры РНК		0
C.	Однонуклеотидные полиморфизмы		0
D.	Популяционные данные		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)			

Основы биоинформатики Вопрос_98

РЕСУРС REACTOME СОДЕРЖИТ ИНФОРМАЦИЮ, ВКЛЮЧАЮЩУЮ			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Данные о генных сетях, метаболических путях и параметрах реакций, с интерактивной визуализацией		100
B.	Однонуклеотидные полиморфизмы		0
C.	Персональные геномные данные		0
D.	Популяционные данные		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Основы биоинформатики Вопрос_99

ОН-ЛАЙН РЕСУРС GENECARDS ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

ОН-ЛАЙН РЕСУРС GENECARDS ЭТО			МС
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Интегрированная база данных по генам человека с клинической и функциональной информацией и автоматическим пополнением из других баз данных		100
B.	База данных только последовательностей (карточек) генов		0
C.	База данных собственной оригинальной экспериментальной информации о генах человека		0
D.	Карточная игра		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Подсказка 1:			
Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):		Нет	
Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):		Нет	
Теги:			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (МС/МА)</i>			

Вопросы открытого типа с ключами.

- Как процессы репликации, транскрипции, трансляции соответствуют базам данных биоинформатики.
Классификация баз данных биоинформатики может быть представлена по базам данных нуклеотидных последовательностей, базам данных РНК и некодирующих РНК, базам данных аннотации белков.
- Предсказание открытых рамок считывания (ORF) и существующие программы.
Существуют программы предсказания открытых рамок считывания – GRAIL, FGENESH, GeneMark, GENSCAN, ORFinder
- Как экзон-интронная структура гена представлена в карточках генов GenBank?
Представлена разметка позиций экзонов в карточке гена GenBank, ключевые слова mRNA, CDS.
- Визуализация генов на хромосоме в геномном браузере – возможно ли динамическое представление?
Визуализация генов в геномном браузере (UCSC Genome Browser, Ensembl) выполняется динамически (мышью) изменение размеров рисунка, положения на хромосоме.
- Нуклеотидные полиморфизмы, их представление в базах данных NCBI, назвать базы.
Нуклеотидные полиморфизмы представлены в базах данных dbSNP, ClinVar.
- Классификация белок-связывающих доменов транскрипционных факторов, ее представление в базах данных.
База данных TRANSFAC содержит классификацию ДНК-связывающих доменов белков.
- Структура и функция промотора. Назвать базы данных промоторных последовательностей генов.
Базы данных EPD (Eukaryotic Promoter Database), TRRD (Transcription Regulatory

- Regions Database), TRANSFAC, JASPAR содержат информацию о сайтах связывания транскрипционных факторов.
8. Сайты связывания транскрипционных факторов и их запись – назвать варианты. Сайты связывания могут представлены в форме консенсус, весовой матрица (матрицы частот нуклеотидов). Базы данных сайтов, содержащие такие записи - TRANSFAC, JASPAR.
 9. Обобщенное представление нуклеотидных последовательностей в расширенном алфавите. Алфавит IUPAC позволяет представить последовательности ДНК в 15-буквенном алфавите.
 10. Предсказания вторичной структуры РНК. Предсказание вторично структуры РНК по первичной последовательности возможно с помощью оценки инвертированных повторов в последовательности. Программы предсказания – UnaFold, RNAfold
 11. Назвать базы данных миРНК. База поиска и предсказания миРНК – miRBase - <https://mirbase.org/>
 12. Контекстные сигналы в РНК. Контекстные сигналы в последовательности – инвертированные повторы – определяют вторичную структуру РНК.
 13. Возможно ли выравнивание белковых (пространственных) структур. Да, пространственное выравнивание представлено на сайте PDB (программы JFATCAT, CE).
 14. Запись и визуализация функциональных сайтов (мотивов текста) в белках. Запись сайтов и их визуализация возможна в форме лого (на основе частотных матриц). Сайты для представления - WebLogo, JASPAR
 15. Понятие экспрессии генов – как может быть измерено, в каких базах данных представлено. Экспрессия генов (уровень транскрипции гена, нормированное число считанных с последовательности ДНК транскриптов) может быть определена с помощью биочипов (микрочипов), секвенирования, технологий RNA-seq. Данные представлены в разделе GEO NCBI.
 16. Классификация семейств белков на основе выравнивания – базы данных. Классификация семейств белков представлена в базах SCOP (Structural Classification Of Proteins), CATH (Class, Architecture, Topology, Homology).
 17. Геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика – представление основных современных баз данных. Представление основных современных баз данных дано в журнале Nuclei Acids Res., первый номер за январь каждого года, спецвыпуск по базам данных, представленным по соответствующим разделам (нуклеотидные последовательности, РНК, белки).
 18. Высокопроизводительные методы исследований (секвенирование) и результаты экспериментов представлены в базах данных? Результаты экспериментов высокопроизводительного секвенирования ДНК представлены в базах данных GEO NCBI, SRA (sequence read archive)
 19. RNA-seq. Определение экспрессии генов. Уровень экспрессии гена определяется по числу транскриптов (РНК), произведенных (транскрибированных) с данного участка нуклеотидной последовательности. Нормированная единица измерения – гркм (число прочтений ДНК, или «ридов»).
 20. Понятие дифференциальной экспрессии генов. Расчет дифференциальной экспрессии генов выполняется в контрастных выборках (больные и здоровые, эксперимент и контроль) по относительному изменению уровня экспрессии.
 21. Системная биология. Генные и метаболические сети, регуляторно-сигнальные пути. Назвать базы данных и платформы. GeneNet, STRING-DB, Reactome.org, KEGG, TRANSPATH.
 22. Генные сети и их визуализация онлайн. Может быть представлена на онлайн-платформах (Базы данных) STRING-DB, GeneMANIA.org.
 23. Биомаркеры и фармакологические мишени. Понятие фармакофора, базы данных. Фармакофор – трехмерная модель белка и лиганда – может быть смоделирована на

- ресурсе PharmIt - <http://pharmit.csb.pitt.edu/>
24. Молекулярные аспекты медицинской диагностики (гены связанные с заболеваниями) представлены в базах данных
Гены заболеваний, аннотация их связи с заболеваниями, генетикой, медицинскими данными представлены в базах данных –OMIM.org, MalaCards.org, GeneCards.org.
 25. Задача сравнения генетических и белковых последовательностей. Алгоритм глобального выравнивания Нидльмана-Вунша (Needleman-Wunsh) представлен.
Алгоритм глобального выравнивания (из конца в конец) для пары последовательностей по Нидльману-Вуншу представлен в программе needle (сайт EMBL-EBI, пакет EMBOSS, часть пакета NCBI BLAST)
 26. Алгоритм локального выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman).
Алгоритм локального выравнивания) для пары последовательностей представлен в программе water (сайт EMBL-EBI, пакет EMBOSS, часть пакета NCBI BLAST)
 27. Основные международные информационные ресурсы (платформы) биоинформатики.
 28. Основные международные информационные ресурсы (платформы) - NCBI, EBI-EMBL, и платформа Китайского геномного центра биоинформации.
 29. Онлайн-ресурсы и web-сервисы ежегодно представлены в журнале.
Онлайн-ресурсы и web-сервисы ежегодно представлены в журнале Nucleic Acids Res. – выпуски D(databases) за январь и W(web-services) за июнь-июль каждого года (последние 15-20 лет выпуски стали регулярными).
 30. Понятия Datamining и Textmining.
Включают анализ данных (data) и текстов (text), в том числе полных текстов биомедицинской литературы.
 31. Базы данных по генным сетям и метаболическим процессам (путям).
Базы данных по метаболическим процессам (путям) включают BioCyc, KEGG, Reactome.org
 32. Вычислительная сложность алгоритмов. Сравнения алгоритмов (относительно парного и множественного выравнивания).
Алгоритмы выравнивания оптимизированы на более быструю работу. Множественное выравнивание имеет большую трудоемкость (степенной перебор в зависимости от числа последовательностей).
 33. Распознавание структурно-функциональных мотивов в генетических текстах. Может быть выполнено с помощью консенсуса, весовой матрицы. Оценка точности распознавания зависит от вырожденности матрицы.
 34. Скрытые марковские модели – аббревиатура, применение.
Скрытые марковские модели – (Hidden Markov Models) применяются для поиска сигналов, предсказания структуры гена.
 35. Методы оптимизации, генетические алгоритмы и их отношение к генетике.
Генетический алгоритм оптимизируют поиск решения для сложных задач путем перебора и отбора переменных, не относится к генетике – это математический алгоритм.
 36. Пакет BLAST.
Пакет BLAST предназначен для поиска гомологии (сходства) заданной последовательности в база х данных (оптимизированное парное выравнивание).
 37. Серия алгоритмов поиска гомологии -BLAST – назвать программы.
К программам поиска гомологии относятся программы FASTA, BLAT (BLAST-Like Alignment Tool).
 38. В каких базах данных представлены модели ферментативных реакций.
База Biomodels (EMBL-EBI), база Reactome.
 39. Применение графов в биоинформатике.
Граф геной сети применяется для визуализации взаимодействий. Вершины (узлы) сети – это макромолекулы (гены), связи – это их взаимодействия
 40. Вероятностные модели последовательности. Определение вероятности получить данную последовательность по случайным причинам.
Может быть получено по частотам нуклеотидов, или более точно по частотам динуклеотидов.
 41. Филогенетический анализ. Построение филогенетического дерева.
Построение филогенетического дерева может быть выполнено по выравниваниб последовательностей и оценке расстояний между последовательностями (числу

- несовпадений).
42. Модели пространственной структуры белков представлены в базе данных. Модели пространственной структуры белков – в базе данных PDB (Protein Data Bank) и ее производных.
 43. Моделирование вторичной структуры РНК может быть выполнено с помощью программ.
Моделирование вторичной структуры РНК может быть выполнено с помощью программ ViennaRNA package, Unafold, RNAfold
Предсказание вторичной структуры белка
 44. Предсказание вторичной структуры белка.
 45. Предсказание вторичной структуры белка может быть выполнено с помощью программ PredictProtein.org
 46. Предсказание пространственной структуры белка по имеющейся аминокислотной последовательности возможно?
Предсказание пространственной структуры белка по аминокислотной последовательности возможно по гомологии с белками с известной структурой - на сервере EXPASY
 47. База данных предсказанных пространственных структур белка – это
 48. База данных предсказанных пространственных структур белка – это ресурс AlphaFold - <https://alphafold.ebi.ac.uk/>
 49. База данных вторичных структур РНК для некодирующих РНК.
База данных вторичных структур РНК для некодирующих РНК - <https://rnacentral.org/>
 50. Визуально повторы в последовательности ДНК. Визуально повторы в последовательности ДНК могут быть представлены в виде матрицы точечной гомологии – дотплот (DotPlot). Визуализация методом диаграмм (точечной гомологии в виде матрицы) позволяет увидеть повторы как диагонали точек в матрице.

ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН
ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ

Сертификат: 00D9818CDA5DBFCD8062289DA9541BF88C
Владелец: Глыбочко Петр Витальевич
Действителен: с 13.09.2022 до 07.12.2023