

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

Институт биодизайна и моделирования  
сложных систем  
Кафедра \_Информационных и интернет технологий\_

**Методические материалы по дисциплине:**

**«Биоинформатика»**

основная профессиональная образовательная программа  
высшего/среднего профессионального образования - программа  
специалитета

30.05.01 Медицинская биохимия

# Биоинформатика (Зачет) /а

## top/По умолчанию для Биоинформатика (Зачет)\_3

### Тема 1 Вопрос\_1

К базовым типам данных языка R относятся:			МА
Балл по умолчанию:			1
Случайный порядок ответов:			Да
Нумеровать варианты ответов?			а
Показать количество правильных ответов после окончания:			Нет
Штраф за каждую неправильную попытку:			33.3
ID-номер:			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	числовой		25
B.	комплексный		25
C.	логический		25
D.	символьный		25
E.	строковый		0
Общий отзыв к вопросу:			
Для любого правильного ответа:		Ваш ответ верный.	
Для любого неправильного ответа:		Ваш ответ неправильный.	
Для любого частично правильного ответа:		Ваш ответ частично правильный.	
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)			

### Тема 1 Вопрос\_10

В языке R какой оператор выдает список созданных переменных			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 языке R какой оператор выдает список созданных переменных			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.	list()		0
B.	ls()		100
C.	variable()		0
D.	var()		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)			

### Тема 1 Вопрос\_11

В языке R какой оператор удаляет объект			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.	del()		0
B.	free()		0
C.	kill()		0
D.	rm()		100
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)			

### Тема 1 Вопрос\_12

В языке R какой оператор создает вектор			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.	c()		100
B.	dim()		0
C.	vector()		0
D.	do()		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)			

### Тема 1 Вопрос\_13

В каком варианте оператора цикла в языке R условие выхода из цикла задается в операторе break			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.	ifelse		0
B.	for		0
C.	while		0
D.	repeat		100
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)			

### Тема 1 Вопрос\_14

Какая функция задает индекс минимального значения из элементов объекта x			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.	min(x)		0
B.	which.min(x)		100
C.	range(x)		0
D.	summax(x)		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)			

### Тема 1 Вопрос\_15

Что делает оператор $\text{Im}(y \sim x)$ , где x и y - векторы			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

Что сделает оператор $\text{lm}(y \sim x)$ , где $x$ и $y$ - векторы			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.	рассчитывает матрицу ковариаций		0
B.	рассчитывает матрицу корреляций		0
C.	прогнозирует $y$ по $x$ по методу линейной регрессии		100
D.	ранжирует значения вектора $x$ и загружает ранги в вектор $y$		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)			

### Тема 1 Вопрос\_16

В языке R			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.	нет меток		100
B.	есть только числовые метки		0
C.	есть только символьные метки		0
D.	метки могут быть и числовыми, и текстовыми		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)			

### Тема 1 Вопрос\_17

В языке R у матриц			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.	И строки, и столбцы имеют свои имена		100
B.	Имена имеют только строки		0
C.	Имена имеют только столбцы		0
D.	Ни строки, ни столбцы не имеют имен		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)			

### Тема 1 Вопрос\_18

Какой оператор языка R задает умножение матриц			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.	*		0
B.	^		0
C.	**		0
D.	%*%		100
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)			

### Тема 1 Вопрос\_19

Как вычисляются произведение квадратных матриц А и В			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.	поэлементным умножением матриц А и В		0
B.	поэлементным умножением матрицы А и транспонированной В		0
C.	поэлементным умножением транспонированной матрицы А и В		0
D.	поэлементным умножением транспонированных матриц А и В		0
E.	другое		100
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)			

### Тема 1 Вопрос\_20

В среде языка R созданные графические объекты:			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 среде языка R созданные графические объекты:			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.	отображаются в основном окне		0
B.	отображаются в дополнительном окне для вывода графики		100
C.	сохраняются в виде файла в одном из графических форматов		0
D.	сохраняются в переменной графического типа, которую можно преобразовывать, отображать и сохранять в файле		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)			

### Тема 1 Вопрос\_21

Что будет, если создать две переменные с одинаковыми именами в программах обработки событий двух разных элементов управления?			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

Что будет, если создать две переменные с одинаковыми именами в программах обработки событий двух разных элементов управления?			MC
<b>Балл по умолчанию:</b>			1
<b>Случайный порядок ответов:</b>			Да
<b>Нумеровать варианты ответов?</b>			а
<b>Штраф за каждую неправильную попытку:</b>			33.3
<b>ID-номер:</b>			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	будет сгенерировано сообщение об ошибке		0
B.	будет сгенерировано сообщение об ошибке, если у этих двух переменных разные типы		0
C.	программа будет работать, изменение значений переменной у одного экземпляра переменной будет менять значения другого экземпляра		0
D.	переменные будут работать независимо друг от друга		100
<b>Общий отзыв к вопросу:</b>			
<b>Для любого правильного ответа:</b>		Ваш ответ верный.	
<b>Для любого неправильного ответа:</b>		Ваш ответ неправильный.	
<b>Подсказка 1:</b>			
<b>Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Теги:</b>			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

### Тема 1 Вопрос\_22

Метки в программе могут быть использованы для:			MC
<b>Балл по умолчанию:</b>			1
<b>Случайный порядок ответов:</b>			Да
<b>Нумеровать варианты ответов?</b>			а
<b>Штраф за каждую неправильную попытку:</b>			33.3
<b>ID-номер:</b>			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

Метки в программе могут быть использованы 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.	задания точки останова		0
B.	определения конца фрагмента повторно выполняемого кода в операторах цикла		0
C.	изменения порядка выполнения операторов посредством операторов условного и безусловного перехода		100
D.	отладочной печати		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 выбрать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

### Тема 1 Вопрос\_23

С помощью какого элемента можно выдать текст из нескольких строк:			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

С помощью какого элемента можно выдать текст из нескольких строк:			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.	label		0
B.	textbox		0
C.	Только label и если задано свойство multiline		0
D.	TRUE		100
E.	Только textbox и если задано свойство multiline		100
F.	TRUE		100
G.	label и textbox и если задано свойство multiline		0
H.	TRUE		100
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>			

### Тема 1 Вопрос\_24

Пусть А – число. Какая конструкция выводит содержимое этого числа в виде надписи в этикетку с именем label1			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

Пусть A – число. Какая конструкция выводит содержимое этого числа в виде надписи в этикетку с именем label1			MC
<b>Балл по умолчанию:</b>			1
<b>Случайный порядок ответов:</b>			Да
<b>Нумеровать варианты ответов?</b>			а
<b>Штраф за каждую неправильную попытку:</b>			33.3
<b>ID-номер:</b>			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	label1		0
B.	text(A)		100
C.	label1.text		100
D.	A.toString		100
E.	label1.label		0
F.	Format(A,"#.")		100
G.	ToText(label1,A)		0
<b>Общий отзыв к вопросу:</b>			
<b>Для любого правильного ответа:</b>		Ваш ответ верный.	
<b>Для любого неправильного ответа:</b>		Ваш ответ неправильный.	
<b>Подсказка 1:</b>			
<b>Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Теги:</b>			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

### Тема 1 Вопрос\_25

В массиве из текстовых (строковых) данных			MC
<b>Балл по умолчанию:</b>			1
<b>Случайный порядок ответов:</b>			Да
<b>Нумеровать варианты ответов?</b>			а
<b>Штраф за каждую неправильную попытку:</b>			33.3
<b>ID-номер:</b>			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

В массиве из текстовых (строковых) данных			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.	Все элементы должны быть одной длины		0
B.	Изменение длины одного элемента вызывает изменение длины других элементов		0
C.	Все элементы могут иметь разную длину, но эта длина после объявления не может меняться		0
D.	Все элементы могут иметь разную и независимо изменяемую длину		100
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)			

### Тема 1 Вопрос\_26

Программы в языке Visual Studio			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 в языке Visual Studio			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.	Для обеспечения безопасности не могут работать с файловой системой		0
B.	Для обеспечения безопасности могут работать только с временными файлами, созданными в процессе работы		0
C.	Могут читать данные из файлов, но не могут их менять		0
D.	Могут делать любые манипуляции с файлами		100
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>			

### Тема 1 Вопрос\_27

Программы в Visual Studio			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 в Visual Studio			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.	Для обеспечения безопасности не могут считывать данные, размещенными в Интернете		0
B.	Могут считывать из Интернета только web-страницы		0
C.	Могут считывать из Интернета любые файлы		100
D.	Могут модифицировать содержание любых страниц, лежащих в Интернете		0
<b>Общий отзыв к вопросу:</b>			
<b>Для любого правильного ответа:</b>		Ваш ответ верный.	
<b>Для любого неправильного ответа:</b>		Ваш ответ неправильный.	
<b>Подсказка 1:</b>			
<b>Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Теги:</b>			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

### Тема 1 Вопрос\_28

В языке R какие функции позволяют создать матрицу			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 языке R какие функции позволяют создать матрицу			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.	data.entry		0
B.	matrix		100
C.	cbind		0
D.	rbind		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)			

### Тема 1 Вопрос\_29

В каком режиме работает рабочая среда языка R:			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.	компиляции		0
B.	интерпретации		100
C.	как WEB-приложение типа «толстый клиент»		0
D.	как WEB-приложение типа «тонкий клиент»		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)			

### Тема 1 Вопрос\_3

В языке R имеются следующие варианты числовых переменных			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.	Числа хранятся как десятичные тексты		100
B.	Имеется один тип для хранения и целых, и дробных чисел		0
C.	Имеется один тип для целых чисел и один – для чисел с плавающей точкой		0
D.	Имеется несколько типов числовых переменных, отличающихся количеством байтов, выделяемых для их хранения		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)			

### Тема 1 Вопрос\_30

В языке R:			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 языке R:			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.	>		0
B.	По окончании сеанса работы задается вопрос, сохранять ли созданные переменные для следующего сеанса		100
C.	По окончании сессии работы все созданные переменные и их значения пропадают		0
D.	По окончании сессии работы все созданные переменные и их значения сохраняются в файле R.save, который можно загрузить командой loadvariable()		0
E.	В начале новой сессии все созданные ранее переменные восстанавливаются, если какие-то не нужны, их надо удалить командами языка		0
<b>Общий отзыв к вопросу:</b>			
<b>Для любого правильного ответа:</b>		Ваш ответ верный.	
<b>Для любого неправильного ответа:</b>		Ваш ответ неправильный.	
<b>Подсказка 1:</b>			
<b>Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Теги:</b>			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

### Тема 1 Вопрос\_31

При работе в среде языке R какое действие вызывает нажатие клавиши «стрелка вверх»:			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

При работе в среде языке R какое действие вызывает нажатие клавиши «стрелка вверх»:			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.	Вызов предыдущей команды для повторного выполнения или модификации		100
B.	Повторное выполнение последней команды		0
C.	Уничтожение последней созданной переменной		0
D.	Никакого		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>			

### Тема 1 Вопрос\_32

В языке R после создания переменной типа вектор:			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 языке R после создания переменной типа вектор:			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.	Длина вектора может быть изменена произвольным образом		100
B.	Можно менять значения элементов вектора, но нельзя менять длину вектора		0
C.	Длина вектора может быть только увеличена		0
D.	Длина вектора может быть только уменьшена		0
<b>Общий отзыв к вопросу:</b>			
<b>Для любого правильного ответа:</b>		Ваш ответ верный.	
<b>Для любого неправильного ответа:</b>		Ваш ответ неправильный.	
<b>Подсказка 1:</b>			
<b>Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Теги:</b>			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

### Тема 1 Вопрос\_33

В языках программирования, поддерживаемых в Visual Studio			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 языках программирования, поддерживаемых в Visual Studio			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.	Средства, в явном виде поддерживающие комплексные числа, отсутствуют		100
B.	Числовые переменные могут хранить как действительные, так и комплексные числа		0
C.	Как комплексные числа можно определять только константы		0
D.	Для хранения комплексных чисел зарезервирован специальный тип переменных		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>			

### Тема 1 Вопрос\_34

В языках программирования, поддерживаемых в Visual Studio, после создания массива			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 языках программирования, поддерживаемых в Visual Studio, после создания массива			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.	Длину можно менять произвольным образом		100
B.	Нельзя изменять его длину,		0
C.	. Длину можно увеличивать, но нельзя уменьшать		0
D.	Длину можно уменьшать , но нельзя увеличивать		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>			

#### Тема 1 Вопрос\_4

Какой тип данных в языке R - упорядоченная последовательность из нескольких значений:			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

Какой тип данных в языке R - упорядоченная последовательность из нескольких значений:			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.	Массивы (array)		0
B.	Списки (list)		0
C.	Векторы (vector)		100
D.	Временные ряды (Ts)		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)			

### Тема 1 Вопрос\_5

Какой тип данных в языке R - неупорядоченная последовательность из нескольких значений:			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.	Массивы (array)		0
B.	Списки (list)		100
C.	Векторы (vector)		0
D.	Временные ряды (Ts)		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)			



### Тема 1 Вопрос\_6

Какой тип данных в языке R – прямоугольная таблица из данных одного базового типа:			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.	Массивы (array)		0
B.	Матрицы (matrix)		100
C.	Векторы (vector)		0
D.	Фреймы (data.frame)		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)			

### Тема 1 Вопрос\_7

Какой тип данных в языке R – таблица из нескольких векторов одинаковой длины, но, возможно, разного типа:			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.	Массивы (array)		0
B.	Матрицы (matrix)		0
C.	Векторы (vector)		0
D.	Фреймы (data.frame)		100
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)			

### Тема 1 Вопрос\_8

Какой тип данных в языке R – многомерная таблица из данных одного базового типа			MC
<b>Балл по умолчанию:</b>			1
<b>Случайный порядок ответов</b>			Да
<b>Нумеровать варианты ответов?</b>			а
<b>Штраф за каждую неправильную попытку:</b>			33.3
<b>ID-номер:</b>			
#	Ответы	Отзыв	Оценка
A.	Массивы (array)		100
B.	Матрицы (matrix)		0
C.	Векторы (vector)		0
D.	Фреймы (data.frame)		0
<b>Общий отзыв к вопросу:</b>			
<b>Для любого правильного ответа:</b>		Ваш ответ верный.	
<b>Для любого неправильного ответа:</b>		Ваш ответ неправильный.	
<b>Подсказка 1:</b>			
<b>Показать количество правильных ответов (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Удалить некорректные ответы (Подсказка 1):</b>		Нет	
<b>Теги:</b>			
<i>Позволяет выбирать один или несколько правильных ответов из заданного списка. (MC/MA)</i>			

### Тема 1 Вопрос\_9

В языке R (помимо цифр и некоторых других символов) для обозначения имени переменных можно использовать			MC
<b>Балл по умолчанию:</b>			1
<b>Случайный порядок ответов</b>			Да
<b>Нумеровать варианты ответов?</b>			а
<b>Штраф за каждую неправильную попытку:</b>			33.3
<b>ID-номер:</b>			
#	Ответы	Отзыв	Оценка

В языке R (помимо цифр и некоторых других символов) для обозначения имени переменных можно использовать			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.	только прописные латинские буквы		0
B.	только строчные латинские буквы		0
C.	прописные и строчные латинские буквы, которые считаются одинаковыми		0
D.	прописные и строчные латинские буквы, которые считаются разными		100
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)			

**Перечень вопросов по биоинформатике (оценочные средства)**

**Программа состоит из 10 разделов, по каждому указаны вопросы (со ссылками для самостоятельной работы - веб-линки)**

**Тема 1. Банки данных генетических текстов. Поиск информации. Базы и банки данных генетической информации. PubMed и GenBank. Поиск в банках данных. Примеры**

1. Вопрос 1.

Интернет-доступные базы и банки данных, ресурсы биоинформатики. Ресурсы PubMed, UCSC GenomeBrowser.

Примеры использования и практические задачи. Зайти на следующие ссылки, ввести название гена (онкогены TP53, BRCA1, ESR1), определить имеющуюся информацию (число научных публикаций, локализацию на хромосоме человека, имеющиеся ресурсы по данному гену)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<http://genome.ucsc.edu/>

<https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>

1. Вопрос 2.

Методология биоинформатики. Формализация молекулярно-биологических данных, их хранение и поиск. База данных PubMed.

Примеры использования и практические задачи.

Посчитать число публикаций ученого по фамилии (на примере ректора Glybochko PV)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Glybochko+PV%5Bau%5D>

То же самое по фамилии преподавателя. По собственной фамилии латинскими буквами (однофамильцы)

1. Вопрос 3.

Базы данных и ресурсы для реконструкции генных сетей

По списку генов реконструировать генную сеть и выполнить визуализацию генной сети в графическом формате. STRING, GeneMANIA

Примеры использования и практические задачи. Зайти на следующие ссылки, ввести несколько названий генов в меню списком (онкогены TP53, BRCA1, BRCA2, ESR1, MDM2, NANOG), выбрать геном человека, получить рисунок

<https://string-db.org/>

<http://genemania.org/>

1. Вопрос 4.

Базы данных о мутациях и нуклеотидных полиморфизмах в геноме человека  
dbSNP

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/snp/>

пример -

rs12516 [Homo sapiens]

1. Вопрос 5.

Базы данных наследственной информации о заболеваниях человека

OMIM

GeneCards

<https://omim.org/>

<https://www.genecards.org/>

1. Вопрос 6.

Представление информации о нуклеотидной последовательности в банках данных.

Форматы карточек данных о нуклеотидной последовательности гена.

Хранится ли информация в карточках банков данных GenBank и EMBL в текстовом виде?

<https://www.ebi.ac.uk/ena>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

1. Вопрос 7.

Классификация существующих баз данных биоинформатики - Геномные базы данных, базы данных функциональной аннотации ДНК, РНК, белков, генных сетей и метаболических путей, генетических полиморфизмов, метагеномные проекты.

В каком научном журнале представлена текущая обзорная информация?

Nucleic Acids Research, первый номер за каждый год

<https://academic.oup.com/nar>

1. Вопрос 8.

Базы данных регуляторных геномных последовательностей (сайты связывания транскрипционных факторов, регуляторные районы транскрипции генов)

Назовите базы данных, содержащие информацию о нуклеотидных последовательностях сайтов связывания транскрипционных факторов

TRANSFAC (Transcription factors)

TRRD (Transcription Regulatory Region Database)

EPD (Eukaryotic Promoter Database)

<http://genexplain.com/transfac/>  
<http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/trrd/>  
<https://epd.epfl.ch/index.php>

1. Вопрос 9.

Геномные ресурсы (браузеры данных), содержащие информацию о референсном геноме человека

NCBI <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide/human/>

UCSC <http://genome.ucsc.edu/>

ENSEMBL <http://www.ensembl.org/index.html>

1. Вопрос 10.

Базы данных информации об экспрессии генов человека

GEO NCBI <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>

TCGA (The Cancer Genome Atlas)

<https://www.cancer.gov/about-nci/organization/ccg/research/structural-genomics/tcga>

1. Вопрос 11.

Базы данных биологической литературы. Ссылки на молекулярно-генетические базы данных в системе NCBI Entrez.

Обязательны ли ссылки на архив нуклеотидных последовательностей в научных публикациях, представляющих новые последовательности ДНК?

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

1. Вопрос 12.

Структура гена – кодирующие участки, нетранслируемые районы. Представление структуры гена в карточке GenBank. Возможно ли определить нетранслируемые районы гена по карточке GenBank?

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

## **Раздел 2. Сравнение последовательностей генетических макромолекул.**

Выравнивание. Парное и множественное выравнивание последовательностей.

Задачи сравнения последовательностей генетических макромолекул. Алфавит ДНК, РНК и аминокислот. Трудоемкость

Выравнивание. Локальное и глобальное выравнивание пары символьных последовательностей.

Парное и множественное выравнивание последовательностей.

Алгоритмы динамического программирования и программы выравнивания (FASTA)

2. Вопрос 1.

Форматы данных последовательностей, работа с табличными данными о прочтениях ДНК.

BED файл, FASTQ

См. карточки генов

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

форматы файлов -

<http://genome.ucsc.edu/FAQ/FAQformat.html>

2. Вопрос 2.

Понятие выравнивания последовательностей макромолекул. Дот-матрица или метод диаграмм для сравнения генетических последовательностей.

Как выглядит совпадающий участок двух последовательностей на дот-матрице?

Диагональ.

<https://dotlet.vital-it.ch>

<http://dgenies.toulouse.inra.fr/>

<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/emboss/dotmatcher>

2. Вопрос 3.

- Основные элементы структуры гена – экзоны, интроны, нетранслируемые последовательности.

Возможно ли выравнивание аминокислотных и нуклеотидных последовательностей с использованием инструментов BLAST (с перекодированием нуклеотидной последовательности в аминокислотную).

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

2. Вопрос 4.

Выравнивание двух последовательностей с помощью динамического программирования. Глобальное и локальное выравнивание пары последовательностей

Инструменты выравнивания:

«Ручное» выравнивание, FASTA, BLAST NCBI

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/sss/fasta/>

[https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta\\_www2/fasta\\_list2.shtml](https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_list2.shtml)

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

2. Вопрос 5.

Парное и множественное выравнивание последовательностей.

Программы множественного выравнивания.

CLUSTAL

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

2. Вопрос 6.

Поиск гомологии в базах данных нуклеотидных последовательностей.

Поиск BLAST всех известных последовательностей ДНК в модельных геномах.

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

2. Вопрос 7.

Поиск гомологии в базах данных аминокислотных последовательностей.

Поиск BLAST последовательностей белков -

Варианты Psi-BLAST, Gapped-BLAST

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

2. Вопрос 8.

Поиск гомологии с помощью программ BLAST и BLAT.

Поиск гомологии для протяженных последовательностей (тысячи и миллионы нуклеотидов - мегабазы) - программа BLAT

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

BLAT (BLAST-like alignment tool)

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgBlat>

### **Раздел 3. Анализ эволюции генов. Филогенетические деревья**

**Анализ соотношения видов на основе сравнения последовательностей ДНК.**

**Принципы построения и визуализация филогенетических деревьев.**

3. Вопрос 1.

Понятие филогенетического дерева. Программы реконструкции деревьев на основе множественного выравнивания последовательностей.

CLUSTAL

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/>

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>  
<https://www.genome.jp/tools-bin/clustalw>

3. Вопрос 2. Понятие расстояния между последовательностями. Построение филогенетических деревьев по мере близости последовательностей.

Методы построения филогенетических деревьев:

Метод Фитча и Марголиаша (Fitch and Margoliash, 1987)

Метод объединения соседей (Saitou and Nei, 1987)

Метод максимальной парсимонии (Felsenstein, 1988)

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/>

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

<https://www.genome.jp/tools-bin/clustalw>

3. Вопрос 3.

Программы построения филогенетических деревьев.

Tree Plot <http://www.bioinformatics.nl/tools/plottree.html>

Phylogeny.fr <http://www.phylogeny.fr/>

PhyML <http://www.atgc-montpellier.fr/phyml/>

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/>

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

<https://www.genome.jp/tools-bin/clustalw>

#### **Раздел 4. Задачи поиска повторов и анализ структуры генетических текстов.**

##### **Структура повторов в тексте. Тандемные и диспергированные повторы.**

##### **Повторы в обобщенном алфавите (для аминокислотных последовательностей)**

4. Вопрос 1.

Классификация повторов - по степени сходства - совершенные и несовершенные (с несовпадениями)

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

[http://atgc.org/GenoPix\\_2D\\_Plotter](http://atgc.org/GenoPix_2D_Plotter)

<http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/reputer/>

4. Вопрос 2.

Классификация повторов текста (геномных последовательностей) - по расположению в геноме - тандемные и диспергированные.

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

[http://atgc.org/GenoPix\\_2D\\_Plotter](http://atgc.org/GenoPix_2D_Plotter)

<http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/reputer/>

4. Вопрос 3.

Классификация повторов в последовательности ДНК - прямые, инвертированные, симметричные и комплементарные, палиндромы

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

[http://atgc.org/GenoPix\\_2D\\_Plotter](http://atgc.org/GenoPix_2D_Plotter)

<http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/reputer/>

4. Вопрос 4.

Вероятность нахождения совершенного повтора заданной длины в геноме. Можно ли считать уникальным повтор длины 20 нт в геноме человека?

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

[http://atgc.org/GenoPix\\_2D\\_Plotter](http://atgc.org/GenoPix_2D_Plotter)

<http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/reputer/>

4. Вопрос 5.

Обобщенные алфавиты. 15-буквенный алфавит ДНК IUPAC (International Union of Pure and

Applied Chemistry)

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

[https://www.megasoftware.net/web\\_help\\_7/rh\\_iupac\\_single\\_letter\\_codes.htm](https://www.megasoftware.net/web_help_7/rh_iupac_single_letter_codes.htm)

## **Раздел 5. Оценки сложности генетического текста. Определения и оценки сложности текста по Колмогорову, по методу Лемпеля-Зива**

**Энтропия Шеннона. Лингвистическая сложности текста**

**Эмпирические оценки сложности, программная реализация**

5. Вопрос 1.

Математические оценки структуры текста: энтропия (энтропия Шеннона), лингвистическая сложность, оценка степени сжатия) по Лемпелю-Зиву)

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/sss/fasta/>

[https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta\\_www2/fasta\\_list2.shtml](https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_list2.shtml)

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

5. Вопрос 2.

Чему соответствуют протяженные повторы в геноме?

Кластер генов, мобильные элементы.

<https://genome.ucsc.edu>

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?>

5. Вопрос 3.

Компьютерные программы поиска повторов в геноме -

REPuter

Complexity

TRF (Tandem Repeat Finder)

<https://genome.ucsc.edu>

<http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/reputer/>

<http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/programs/lzcomposer/>

<http://tandem.bu.edu/trf/trf.html>

## **Раздел 6. Предсказание структуры гена. Расчет вторичной структуры РНК.**

**Кодирующие части и экзон-интронная структура гена. Предсказание структуры гена.**

**Примеры работы программ предсказания, запись структуры гена в банках данных.**

**Вторичная структура РНК. Петли и шпильки вторичной структуры. Формат записи вторичной структуры. Визуализация.**

6. Вопрос 1.

Предсказание структуры гена в неизвестной последовательности ДНК на основе частот триплетов, поиска гомологии

<http://grail.lsd.ornl.gov/grailexp/>

6. Вопрос 2.

Функциональная аннотация генов. Запись структуры гена в карточке банка данных (GenBank) - нетранслируемые последовательности (НТР), экзоны, интроны, сайты сплайсинга.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

6. Вопрос 3.

Вторичная структура РНК. Элементы вторичной структуры РНК - петли и шпильки

6. Вопрос 4.

Вторичная структура РНК. Программы предсказания вторичной структуры РНК

RNAfold

MFold



RNAstructure

6. Вопрос 5.

Некодирующие РНК (нкРНК) в геноме. Классификация и аннотация:

миРНК

пиРНК

днкРНК

<https://ru-wiki.ru/wiki/PiRNA>

**Раздел 7. Структура и функция белка.**

**Вторичная и третичная структура белка. Альфа-спирали и бета-нити.**

**Предсказание вторичной структуры по аминокислотной последовательности.**

**Пространственная структура белка. Банк данных структур PDB. Карточка данных в формате PDB.**

**Визуализация структуры, пространственное выравнивание структур белков.**

7. Вопрос 1.

Базы данных структурной и функциональной аннотации белков.

SWISS-PROT и TrEMBL

UniProt - UniProt (Universal Protein Resource)

PIR (Protein Information Resource)

HUPO (HUMAN Proteome Organization)

HSSP <http://www.sander.ebi.ac.uk/hssp/>

PDB <http://www.pdb.org/>

SCOP <http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop>

<http://swissmodel.expasy.org>

<https://www.uniprot.org/>

7. Вопрос 2.

Основные элементы вторичной структуры белка -

Альфа-спирали, бета нити и петли

HSSP <http://www.sander.ebi.ac.uk/hssp/>

PDB <http://www.pdb.org/>

SCOP <http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop>

<https://www.uniprot.org/>

7. Вопрос 3.

Предсказание вторичной структуры белка по аминокислотной последовательности - основные методы -

Поиск гомологии, частоты аминокислот, решающие правила, нейронные сети

HSSP <http://www.sander.ebi.ac.uk/hssp/>

PDB <http://www.pdb.org/>

SCOP <http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop>

PSIPRED сервер

<http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred>

Сервер Predict Protein

[www.predictprotein.org](http://www.predictprotein.org)

<http://swissmodel.expasy.org>

7. Вопрос 4.

Классификация структур белков.

FSSP – классификация на основе структурного выравнивания программой DALI (автоматическая)

CATH – структурное выравнивание + выравнивание последовательностей (полуавтоматическая)

SCOP – экспертная классификация структур + последовательностей

HSSP <http://www.sander.ebi.ac.uk/hssp/>

PDB <http://www.pdb.org/>  
SCOP <http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop>  
[www.pdb.org](http://www.pdb.org)  
<https://www.uniprot.org/>  
<http://www.cathdb.info/>

#### 7. Вопрос 5.

Классификация структур белков по третичной структуре. Глобулярные белки - основные суперклассы: альфа-спиральные, бета-структурные, смешанные.

HSSP <http://www.sander.ebi.ac.uk/hssp/>  
PDB <http://www.pdb.org/>  
SCOP <http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop>  
<http://www.cathdb.info/>

### **Раздел 8. Генные и метаболические сети.**

**Определение генной сети. Теоретико-графическое представление.**

**Примеры визуализации. GeneNet, KEGG, STRING, Cytoscape**

**Примеры динамических моделей генных сетей.**

#### 8. Вопрос 1.

Концепция генной сети и биологическое определение.

Генная сеть - комплекс взаимодействующих макромолекул.

<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/genenet/>

#### 8. Вопрос 2.

Теоретико-графическое представление генной сети в виде дерева - узлы и связи.

Узлами (точками) являются макромолекул (белки, ДНК), связями - взаимодействия между ними.

<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/genenet/>

#### 8. Вопрос 3.

Визуализация генных сетей и типы представления:

Белок-белковые взаимодействия. Взаимодействия белок-ДНК. Регуляторная генная сеть.

Реконструкция генной сети возможна по:

гомологии (с генной сетью, известной для других организмов, например человек и мышь, лабораторные животные),

по ко-экспрессии (коррелированной экспрессии генов),

по экспериментальным данным белок-белковых взаимодействий,

по ассоциациям (совместной встречаемости в научных публикациях)

<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/genenet/>

<https://string-db.org/>

<http://genemania.org/>

#### 8. Вопрос 4.

Базы данных и ресурсы генных сетей, представляющие статическую информацию

GeneNet, KEGG, Reactome

И возможность динамического редактирования (перерисовка заданной сети на экране)

GeneMANIA, STRING, GeneGo, Cytoscape

<http://wwwmgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/genenet/>

<https://www.genome.jp/kegg/kegg2.html>

#### 8. Вопрос 5.

Генные сети и метаболические пути заболеваний человека.

Дисизом (от английского disease – болезнь, заболевание)

### **Раздел 9. Генные онтологии**

**Группы онтологий - клеточные компартменты, молекулярные функции, биологические процессы. Международный консорциум и базы данных GO. Инструменты анализа генных онтологий AmiGO, DAVID, PANTHER.**

9. Вопрос 1.

Понятие генных онтологий.

В группы онтологий входят:

клеточные компартменты, молекулярные функции, биологические процессы.

<http://www.geneontology.org>

<http://www.pantherdb.org/>

9. Вопрос 2.

Международный консорциум GO (генных онтологий).

Gene Ontology (GO) knowledgebase - <http://geneontology.org>

<http://www.geneontology.org>

<http://www.pantherdb.org/>

9. Вопрос 3.

Инструменты анализа генных онтологий AmiGO, DAVID, PANTHER.

<http://www.pantherdb.org/>

<https://david.ncifcrf.gov/>

9. Вопрос 4.

Отличие значимых категорий онтологий для одного и того же списка генов в инструменты анализа онтологий DAVID и PANTHER.

<http://www.pantherdb.org/>

<https://david.ncifcrf.gov/>

9. Вопрос 5.

Необходима ли поправка на множественность гипотез (например, Бенджамини-Хохберга) при анализе большого числа категорий онтологий для списка генов (например в инструментах DAVID, PANTHER).

<http://www.pantherdb.org/>

<https://david.ncifcrf.gov/>

**Раздел 10. Технологии геномного секвенирования и представление информации. Анализ профилей ChIP-seq и поиск сайтов связывания транскрипционных факторов. Геномный браузер UCSC Genome Browser. Представление информации – геномных профилей на хромосоме.**

10. Вопрос 1.

Задачи биоинформатики, требующие высокопроизводительных компьютерных вычислений:

Расчет геномных профилей ChIP-seq.

Задачи структурного сравнения белков.

Задачи молекулярной динамики.

<http://www.ensembl.org>

10. Вопрос 2.

Основы технологий высокопроизводительного секвенирования ДНК. Прочтения ДНК и их хранение в базах данных.

Архив GEO NCBI - Gene Expression Omnibus

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/profiles/?term=brca1>

10. Вопрос 3.

Задачи компьютерной геномики. Анализ профилей ChIP-seq и поиск сайтов связывания

транскрипционных факторов.

Технология ChIP-seq предназначена для:

Определения белковых сайтов связывания в геноме,

Определение эпигенетических модификаций в геноме

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>

10. Вопрос 4.

Представление геномной информации для пользователя в графическом виде. Базы данных и геномные браузеры:

Ensembl, UCSC Genome Browser.

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

<http://www.ensembl.org>

10. Вопрос 5.

Геномный браузер UCSC Genome Browser. Поиск нуклеотидной последовательности гена.

Использование UCSC Table Browser для составления выборок нуклеотидных последовательностей заданных генов.

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

10. Вопрос 6.

Анализ данных транскриптомного профилирования (RNA-seq) с помощью браузера UCSC Genome Browser. Возможно ли определение уровней экспрессии генов и границ транскрибируемых участков?

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>

10. Вопрос 7.

Технологии секвенирования на основе микрочипов, SAGE/CAGE и RNA-seq - обладает ли RNA-seq преимуществами по масштабам и точности измерения уровней экспрессии?

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>

<http://www.ensembl.org>

10. Вопрос 8.

Представлена ли информация о клинически значимых вариантах последовательностей генома человека (SNP, OMIM, Human Genome Mutation Database) в геномном браузере UCSC?

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

<http://www.hgmd.cf.ac.uk/ac/index.php>

1. 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.
2. Предсказание открытых рамок считывания (ORF) и существующие программы.  
Существуют программы предсказания открытых рамок считывания – GRAIL, FGENESH, GeneMark, GENSCAN, ORFinder
3. Как экзон-интронная структура гена представлена в карточках генов GenBank?  
Представлена разметка позиций экзонов в карточке гена GenBank, ключевые слова mRNA, CDS.
4. 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.
5. Нуклеотидные полиморфизмы, их представление в базах данных NCBI, назвать базы.  
Нуклеотидные полиморфизмы представлены в базах данных dbSNP, ClinVar.
6. Классификация белок-связывающих доменов транскрипционных факторов, ее представление в базах данных.  
База данных TRANSFAC содержит классификацию ДНК-связывающих доменов белков.
7. 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 – miRNBBase - <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 сичло 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 *Nucleic Acids Res.*, первый номер за январь каждого года, спецвыпуск по базам данных, представленных 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 определяются по числу транскриптов (РНК), произведенных (транскрибированных) с данного участка нуклеотидной последовательности. Нормированная единица измерения – rpkм (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 геномной 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 выравниваниям 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, RNAfoldПредсказание 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 могут быть представлены в виде матрицы
51. 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: 00D9618CDA5DBFCD6062289DA9541BF88C  
Владелец: Глыбочко Петр Витальевич  
Действителен: с 13.09.2022 до 07.12.2023