

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



УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе
Е.С. Богомолова

Е.С. Богомолова 2021 г.

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ СРЕДСТВ

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

направление подготовки **06.04.01 Биология**

профиль **Нейробиология**

Квалификация выпускника:

Магистр

Форма обучения:

очная

Нижний Новгород

2021

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

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

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

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

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

2. Критерии и шкала оценивания

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

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

3. Оценочные средства (полный перечень оценочных средств)

3.1 Текущий контроль

Перечень вопросов:

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

Перечень вопросов:

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

Темы рефератов:

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

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

Перечень вопросов:

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

Темы рефератов:

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

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

Перечень вопросов:

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

Темы рефератов:

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

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

Перечень вопросов:

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

Темы рефератов:

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

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

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

Темы рефератов:

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

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

Перечень вопросов:

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

Темы рефератов:

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

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

Перечень вопросов:

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

Темы рефератов:

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

3.1.9. Контролируемый раздел дисциплины «Моделирование в протеомике».

Перечень вопросов:

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

3.2 Промежуточный контроль

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

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

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

биологических исследованиях».

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

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

Перечень вопросов:

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

3.3 Тестовые вопросы

Выберите один правильный ответ.

<i>Тестовые вопросы и варианты ответов</i>	<i>Компетенция, формируемая тестовым вопросом</i>
3.2.1. <i>Контролируемый раздел дисциплины</i> «Введение в биоинформатику. Использование биоинформатики в биологии и медицине»	
<p>1. БИОИНФОРМАТИКА — ЭТО:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) набор статистических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов; 2) набор физических методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов; 3) набор компьютерных методов для анализа биологических данных: прочитанных структур ДНК и белков, микрофотографий, сигналов, баз данных с результатами экспериментов; 	<p>УК – 1, ОПК – 6</p>

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

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

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

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

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

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

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

Эталоны ответов

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

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