

Документ подписан простой электронной подписью
Информация о владельце:
ФИО: Косенок Сергей Михайлович
Должность: ректор
Дата подписания: 30.06.2026 16:45:59
Уникальный программный ключ:
e3a68f3eaa1e62674b54f4998099d3d6bfdcf836

Оценочные материалы для текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине

Основы биоинформатики, 4 курс

Код, направление подготовки	05.03.06 ЭКОЛОГИЯ И ПРИРОДОПОЛЬЗОВАНИЕ
Направленность (профиль)	ЭКОЛОГИЯ
Форма обучения	ЗАОЧНАЯ
Кафедра-разработчик	ЭКОЛОГИИ И БИОФИЗИКИ
Выпускающая кафедра	ЭКОЛОГИИ И БИОФИЗИКИ

Типовые задания для контрольной работы:

Темы итоговой контрольной работы

1. Универсальные поисковые машины.
2. Базы данных; виды, сетевая реализация.
3. Кодирование информации в генах.
4. Помехоустойчивость генетического кода.
5. Синтез белков. Онтогенез и морфогенез.
6. Молекулярная динамика наноструктур.
7. Искажение информации и её последствия на уровне органов, тканей и популяционном уровне. Дрейф генов.
8. Нейросети мозга.
9. Хранение и переработка информации мозгом.
10. Неопределённость в работе нейроэмуляторов.
11. Хаотическая динамика в биосистемах и методы измерения параметров порядка.
12. Понятие эволюции. Эволюция признаков, параметров порядка, биоинформационные процессы при эволюции.
13. Информационная устойчивость биосистем к внешним и внутренним генерируемым помехам.
14. Флуктуации и вариации в динамике популяций.
15. Базы данных и поиск информации в международных базах данных.
16. Методы компьютерного моделирования.
17. Методы молекулярной механики.
18. Метод молекулярной динамики.
19. Метод Монте-Карло в моделировании биомолекул.
20. Метод расчёта свободной энергии молекулярных систем.

Типовые вопросы (задания) к зачету:

Сформулируйте развернутые устные ответы на следующие теоретические вопросы:

1. Основные задачи и понятия биоинформатики. Примеры существующих биоинформационных Интернет-ресурсов.
2. Развитие идеологии компьютерного эксперимента; понятие *in silico*.
3. Примеры использования компьютерных методов в биологии.
4. Единица информации. Примеры расчёта информации.
5. Мутации в популяциях.
6. Популяционное равновесие диких и мутантных клеток.
7. Метод молекулярной динамики.

8. Классическое приближение уравнений движения молекулярной системы.
9. Численное интегрирование уравнений движения методом Верле.
10. Молекулярная динамика как численный эксперимент.
11. Концепция иерархической организации макромолекул. *Последовательность* → *Структура* → *Динамика* → *Функция*. Методы молекулярной механики ММ, используемые на каждом из перечисленных этапов (привести примеры).
12. Квантово-механический и «классический» подходы к описанию молекулярных систем.
13. Методы, основанные на использовании эмпирических силовых полей (дать краткую характеристику).
14. Понятие конформационного пространства многоатомной молекулярной системы.
15. Функция потенциальной энергии молекулы.
16. Методы минимизации потенциальной энергии – привести примеры использования для решения задач физико-химической биологии.
17. Основы метода молекулярной динамики (МД). Достоинства и недостатки.
18. Понятие траектории МД. Примеры использования при изучении бимолекулярных систем.
19. Использование периодических граничных условий в МД: суть метода, чем обусловлена необходимость его применения?
20. Метод Монте-Карло. Решение проблемы конформационного поиска с помощью стохастических методов.
21. Основы метода молекулярного докинга. Алгоритмы поиска и оценки конформаций комплекса белок-лиганд. Характер решаемых с помощью докинга задач.
22. Возможности и ограничения современных экспериментальных и компьютерных методов определения трехмерной структуры макромолекул.
23. Моделирование на основе гомологии. Принцип метода. Выбор структурного шаблона. Оценка качества полученных моделей.
24. Моделирование на основании гомологии. Пример практического использования метода. От теории к практике: комплексное использование методов ММ для поиска новых лигандов белка с неизвестной трехмерной структурой