

Вопросы к экзамену:

Вопрос 1.

Объектами исследований микробионики являются:

1. Микроорганизмы в аксеничных культурах.
2. Микроорганизмы в микробных сообществах.
3. Микробиота эукариот.
4. Некультивируемые микроорганизмы в сложных микробных сообществах.
5. Геномы микроорганизмов в аксеничных культурах и их функции.
6. Геномы микроорганизмы в микробных сообществах и их функции.
7. Геномы некультивируемые микроорганизмы в сложных микробных сообществах и их функции.
8. Метагеномы микроорганизмов в аксеничных культурах и их функции.
9. Метагеномы микроорганизмы в микробных сообществах и их функции.
10. Метагеномы некультивируемых микроорганизмов в сложных микробных сообществах и их функции.

Вопрос 2.

Некультивируемые бактерии сложных микробных сообществ могут быть исследованы с помощью методов:

1. Микробиологического культивирования.
2. Микроскопии (трансмиссивной, зондовой, иммуномикроскопии и др.).
3. Вариантов ПЦР.
4. Геномики.
5. Протеомики.
7. Транскриптомики.
8. Метаболомики.
9. Метагеномики.
10. Метапротеомики.
11. Метатранскриптомики.
12. Метаметаболомики.
13. Геномики «single-cell».
14. Транскриптомики «single-cell».
15. Протеомики «single-cell».
16. Метаболомики «single-cell».

Вопрос 3.

Омикс-данные сложных микробных консорциумов позволяют обнаруживать новые антимикробные препараты в метагеноме с помощью биоинформатических ресурсов:

1. Gen Bank
2. KEGG
3. NCBI
4. Celera Assembler
5. BLAST
6. ARDB (Antibiotic Resistance Genes Database),
7. CARD (Comprehensive Antibiotic Resistance Database),
8. ARG-ANNOT (Antibiotic Resistance Gene Annotation).

Вопрос 4.

Технологии секвенирования нового поколения (NGS) связаны с использованием методов:

1. Лизиса клеток.
2. Выделения ДНК.
3. Обрыва цепи.
4. Дробовика (Shotgun).
5. Случайного фрагментирования ДНК.
6. Создания библиотеки случайных последовательностей ДНК.
7. Создания ампликонов с помощью ПЦР.
8. Молекулярного клонирования.
9. Сборки ридов.
10. Сборки контиг.
11. Сборки скаффолдов.
12. Сэнгера.

Вопрос 5.

Для выяснения структуры микробного сообщества применяют методы:

1. Микробиологического культивирования.
2. Микроскопии (трансмиссивной, зондовой, иммуномикроскопии и др.).
3. Направленной ПЦР с последующим сиквенсом ампликонов.
4. ОТ-ПЦР.
5. ПЦР в реальном времени.
6. Метагеномики.
7. Метапротеомики.
8. Метатранскриптомики.
9. Метаметаболомики.
10. Геномики.
11. Протеомики.
12. Транскриптомики.
13. Метаболомики.
14. Липидомики.

Вопрос 6.

Для получения функциональной характеристики микробного сообщества применяют методы:

1. Микробиологического культивирования.
2. Микроскопии (трансмиссивной, зондовой, иммуномикроскопии и др.).
3. Направленной ПЦР с последующим сиквенсом ампликонов.

4. ОТ-ПЦР.
5. ПЦР в реальном времени.
6. Метагеномики.
7. Метапротеомики.
8. Метатранскриптомики.
9. Метаметабономики.
10. Геномики.
11. Протеомики.
12. Транскриптомики.
13. Метабономики.
14. Липидомики.

Вопрос 7.

Интегративный анализ (мета)омикс-данных позволяет сделать полную реконструкцию актуальных метаболических путей в микробном сообществе:

1. Всех микроорганизмов.
2. Некоторых микроорганизмов.
3. Некультивируемых организмов.
4. Микроорганизмов наиболее представленных таксонов.
5. Большинство микроорганизмов.

Вопрос 8.

Развитие микробиомики связано с развитием:

1. Синтетической биологии.
2. Эпигенетики.
3. Молекулярной биологии.
4. Методов высокого разрешения, в том числе омикс-технологий.
5. Таргетной модуляции микробиомов.
6. Медицины 4P.
7. Медицины 7P.
8. Персонализированной медицины.
9. Трансляционной медицины.
10. Молекулярной медицины.
11. Генетической медицины.
12. Медицинской генетики.
13. Иммуногенетики.
14. Старой доброй медицины.
15. Классической микробиологии.
16. Метагеномики.

Вопрос 9.

Известно, что у **носителей антигенов** $A_{10}, A_{20}, A_{30}, B_{10}, B_{20}, B_{30}$ *относительный риск* развития **заболевания X** ($RR = \frac{f_n(1-f_k)}{f_k(1-f_n)}$; f_n и f_k - фракции носителей конкретного антигена в группах больных X и здоровых соответственно, выражаются в десятичных дробях) составляет для $A_{10}, A_{20}, A_{30}, B_{10}$ и $B_{20} < 2$, а $B_{30} < 1$. Какова вероятность найти в многодетной семье **абсолютно совместимого в отношении антигенов МНС I** ребенка-донора для страдающего **заболеванием X отца**, являющегося носителем антигенов $A_{10}A_{20}B_{10}B_{20}$, если мать является носителем антигенов $A_{20}A_{30}B_{20}B_{30}$, а **гаплотипы отца и матери** - $a_{10}b_{10}/a_{20}b_{20}$ и $a_{20}b_{30}/a_{30}b_{20}$ соответственно.

Вопрос 10.

Одним из способов преодоления инфекционным агентом иммунного контроля хозяина, связанного со специфичными антигенраспознающими рецепторами (BCR и TCR), является **высокочастотная генетически опосредованная вариабельность поверхностных**

иммунодоминантных бактериальных белков, гены которых состоят из блоков высокоповторяющихся последовательностей (высокочастотная перестройка этих последовательностей по типу «выщепление-встраивание» обеспечивает разнообразие репертуара антигенов инфектов). Несколько лет назад на рынке появилась **генно-инженерная вакцина** против возбудителя распространенного опасного заболевания сельскохозяйственных животных, основанная на полной нуклеотидной последовательности гена поверхностного иммунодоминантного белка возбудителя. Вскоре вакцина с рынка была **изъята**. Каковы возможные причины этого?

Вопрос 11.

Имплантационные нарушения в популяциях человека ассоциированы с взаимодействием лиганда (**C2 эпитоп молекул HLA-C**), экспрессированного на фетальных клетках (вневорсинчатый трофобласт), с рецептором - **KIR2DL1**, экспрессированным на материнских клетках (uNK). Каковы возможные **причины осложнений** и/или нарушения беременности (*пре-эклампсия, привычное невынашивание беременности, задержка/дефицит роста плода*) у **женщин, гомозиготных по гаплотипу A KIR**, плод которых является носителем **C2 эпитопа**?

Соответствие баллов и оценок:

86-100 – отлично

71-85 – хорошо

56-70 – удовлетворительно

0-55 – неудовлетворительно