

Промежуточная аттестация

Вопросы к экзамену по молекулярной филогении

1 Формат GenBank:

- а) имеет заголовок и последовательность
- б) имеет аннотацию последовательности
- в) не имеет пробелов и дополнительных символов
- г) состоит из цветных штрихов

2 В каком поле записи GenBank располагаются информация о нуклеотидной последовательности?

- а) REFERENCE
- б) FEATURES
- в) ORIGIN
- г) JOURNAL

3 База данных TrEMBL содержит...

- а) гипотетические аминокислотные последовательности по генам
- б) экспериментальные аминокислотные последовательности белков
- в) исходные нуклеотидные последовательности генов белков
- г) последовательности из базы данных SwissProt

4 Транзиции - это...

- а) Замена пурина или пиримидина на другой нуклеотид такого же типа
- б) Перенос нуклеотида на противоположную цепь ДНК
- в) Замена пурина на пиримидин
- г) Замена пиримидина на пурин

5 Трансверсии - это...

- а) Замена пурина на другой пурин
- б) Замена нуклеотида на комплементарный ему
- в) Замена пиримидина на пиримидин
- г) Замена между пуринами и пиримидинами

6 Консенсусная последовательность - это...

- а) Общий фрагмент для всех последовательностей набора
- б) Искусственная последовательность, в каждой позиции которой находится нуклеотид, наиболее часто встречающийся в этой позиции последовательностей набора
- в) Набор последовательностей одинаковой длины
- г) Последовательность со строго определенным набором нуклеотидов или аминокислот

7 Вид эволюции, приводящий к независимому образованию схожих признаков

- а) Дивергенция
- б) Параллельная эволюция
- в) Конвергенция г) Регрессия

8 Модель Джукса-Кантора:

- а) вероятность замены любого нуклеотида на любой другой одинакова
- б) частота транзиций и трансверсий различается
- в) частота замены любой пары нуклеотидов различается
- г) частота замены не зависит от исходного нуклеотида и различается для всех замененных нуклеотидов

9 Если замены нуклеотида в данной позиции не происходят никогда, то эта позиция ...

- а) Вариабельная
- б) Консервативная
- в) Нейтральная
- г) Инвариантная

10 Программа MEGA используется для ...

- а) множественного выравнивания
- б) построения филогенетических деревьев
- в) Bootstrap-анализа
- г) Все ответы верны

11 Выберите статистический метод анализа филогенетических деревьев:

- а) метод минимальной эволюции
- б) метод Bootstrap
- в) метод ближайших соседей
- г) метод UPGMA

12 В чем смысл бутстреп анализа?

- а) количество совпадающих по топологии деревьев из выборки заданного размера (обычно 100)
- б) количество совпадающих по длине ветвей деревьев из выборки заданного размера (обычно 100)
- в) процент совпадения последовательностей в множественном выравнивании
- г) вероятность ошибки при построении

13 Что такое "ветви"?

- а) разделение предкового вида на два или более
- б) общий предок
- в) изменяющийся вид в процессе эволюции
- г) конечный вид, не подверженный эволюции

14 Выберите европейскую базу данных нуклеотидных последовательностей:

- а)NCBI
- б)DDBJ
- в)EMBL
- г)ENA

15 В структуру INSDC не входит:

- а)GenBank
- б)DDBJ
- в)ENA
- г)SwissProt

16 Автор(ы) концепции молекулярных часов:

- а)Э. Цукеркэндли Л. Полинг
- б)М. Кимура
- в)М. Ней и С. Кумар
- г)Н. Суеока

17 Сколько всего рамок считывания

- а)1
- б)3
- в)6
- г)9

18 Из какого набора нуклеотидов состоит ДНК?

- а)аденин, гуанин, цитозин, урацил

- б) аденин, гуанин, цитозин, тимин
- в) аденин, инозин, цитозин, урацил
- г) инозин, ксантозин, урацил, тимин

19 Суть теории мутационного давления:

- а) повышенная частота замены аденина и тимина на гуанин и цитозин или наоборот
- б) повышенная частота замены пуринов на пиримидины или наоборот
- в) повышенная частота вставки или удаления конкретного нуклеотидного основания
- г) повышенная частота мутаций при сильном давлении среды

20 Суть концепции молекулярных часов:

- а) постоянная частота замен в пределах каждого набора гомологичных последовательностей
- б) частота замен зависит от количества гомологичных последовательностей в наборе
- в) постоянная частота замен в пределах всех наборов последовательностей
- г) переменная частота замен в пределах всех наборов последовательностей

21 Молекулярная филогенетика -это...

- а) установление родственных связей между организмами на основе изучения структуры полимерных макромолекул
- б) установление родственных связей между организмами на основе изучения их морфологических признаков
- в) установление родственных связей между организмами на основе изучения физиологических и

биохимических процессов

г)установление родственных связей между организмами на основе их экологической роли

22 Общее количество генетически кодируемых аминокислот:

а)4

б)16

в)20

г)64

23 В ходе эволюции чаще всего происходит:

а)удаление вредных мутаций

б)удаление полезных и нейтральных мутаций

в)закрепление полезных мутаций

г)закрепление вредных мутаций

24 Выберите стартовый кодон универсального генетического кода:

а)ТAA

б)TAG

в)ATG

г)TGA

25 Какой из методов относится к дискретным?

а)метод ближайших соседей

б)метод минимальной эволюции

в)метод максимальной парсимонии

г)метод UPGMA