



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
федеральное государственное образовательное учреждение
высшего образования
«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
ФГБОУ ВО «ИГУ»

Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики



ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ
для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине:

Б1.В.15 «ГЕНОМНЫЕ И ПОСТГЕНОМНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ»

Специальность: 06.05.01 Биоинженерия и биоинформатика

Специализация: Биоинженерия и биоинформатика

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная

Согласовано с УМК биологического факультета

Протокол № 5 от 24 марта 2025 г.

Председатель Матвеев А.Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

Протокол № 12 от 19 марта 2025 г.

Зав. кафедрой Саловарова В.П. Саловарова

Иркутск 2025 г.

ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ

Разработан для учебной дисциплины Б1.В.15 «Геномные и постгеномные технологии», специальность 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», Специализация: «Биоинженерия и биоинформатика». Фонд оценочных материалов (ФОМ) включает оценочные материалы для проведения текущего контроля, промежуточной аттестации в форме зачета.

Оценочные материалы соотнесены с требуемыми результатами освоения образовательной программы 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», в соответствии с содержанием рабочей программы учебной дисциплины Б1.В.15 «Геномные и постгеномные технологии», с учетом ОПОП.

Нормативные документы, регламентирующие разработку ФОМ:

- статья 2, часть 9 Федерального закона «Об образовании в Российской Федерации», ФЗ-273, от 29.12.2012 г.;

- ФГОС ВО по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации 12 августа 2020 г. № 973.

1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины (4 курс, 8 семестр)

ПК-1: Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных организмов, а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам.

Компетенции	Индикаторы компетенций	Планируемые результаты обучения	Формы и методы контроля и оценки
ПК-1 Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по биологическим объектам	<i>ИДК ПК 1.1</i> Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности	Знает: принципы секвенирования и аннотирования полнотекстового генома, основные методы и подходы анализа генетической информации, основанные на постгеномных технологиях, области применения геномных и постгеномных технологий в медицине, сельском хозяйстве и биотехнологиях, молекулярные механизмы регуляции экспрессии генов и передачи наследственной информации, основные базы данных, содержащие информацию о геномах и транскриптомах организмов. Умеет: демонстрировать знание принципов организации, реализации и передачи генетической информации; использовать полученные знания и навыки для решения профессиональных задач, в частности, при проведении научных исследований и разработок в области современной экспериментальной биологии, экологии, биомедицине и	Текущий контроль: - тестирование Промежуточная аттестация: зачет

	<p>биотехнологии, осуществлять обзор и анализ современной научной литературы, составлять научные и аналитические отчеты по теме исследования.</p> <p>Владеет: теоретическими и практическими основами молекулярно-биологических методов и подходов, навыками работы с основными генетическими базами данных, средствами анализа молекулярно-биологической информации.</p>		
	<p><i>ИДК ПК 1.2</i> Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.</p>	<p>Знать: теоретические основы методов анализа больших объемов молекулярно-генетических данных.</p> <p>Уметь: использовать современные методы анализа геномных и транскриптомных данных в профессиональной деятельности.</p> <p>Владеть: методами анализа, описания, интерпретации и визуализации больших выборок биологических данных.</p>	<p>Текущий контроль: - тестирование</p> <p>Промежуточная аттестация: зачет</p>
	<p><i>ИДК ПК 1.3</i> Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач профессиональной деятельности</p>	<p>Знать: теоретические и методологические подходы для разработки новых технологий геномного секвенирования, а также анализа большого объема биоинформационных биологических данных.</p> <p>Уметь: творчески применять данные о геномных и посгеномных технологиях для разработки новых моделей анализа больших объемов биологических данных.</p> <p>Владеть: владеет методами выработки рекомендаций для решения новых задач в области анализа геномов и данных, полученных на их основе.</p>	<p>Текущий контроль: - тестирование,</p> <p>Промежуточная аттестация: зачет</p>

2. Оценочные материалы для проведения текущего контроля

2.1 Тестирование

Индекс и содержание формируемой компетенции	Индикаторы компетенций	Тип задания для промежуточной аттестации																					
		Задание закрытого типа на установление соответствие	Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из предложенных и аргументацией выбора	Задание открытого типа с развернутым ответом																		
ПК-1 Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ	<i>ИДК ПК 1.1</i> Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности	<p>Задание 1 <i>Прочитайте задание и укажите цифру, соответствующую длине рида:</i> Установите соответствие между типом полногеномного секвенирования и средней длиной рида:</p> <p>1. SOLiD 2. Ion Torrent 3. Illumina 4. PacBio (SMRT) 5. Oxford Nanopore</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="text-align: center; padding: 2px;">Длина рида</th> <th style="text-align: center; padding: 2px;">Цифра</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td style="text-align: center; padding: 2px;">150-300 п.о.</td> <td style="text-align: center; padding: 2px;"></td> </tr> <tr> <td style="text-align: center; padding: 2px;">от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td> <td style="text-align: center; padding: 2px;"></td> </tr> <tr> <td style="text-align: center; padding: 2px;">100-400 п.о.</td> <td style="text-align: center; padding: 2px;"></td> </tr> <tr> <td style="text-align: center; padding: 2px;">от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)</td> <td style="text-align: center; padding: 2px;"></td> </tr> <tr> <td style="text-align: center; padding: 2px;">около 35-75 п.о.</td> <td style="text-align: center; padding: 2px;"></td> </tr> </tbody> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="text-align: center; padding: 2px;">Температура</th> <th style="text-align: center; padding: 2px;">Цифра</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td style="text-align: center; padding: 2px;">150-300 п.о.</td> <td style="text-align: center; padding: 2px;">3</td> </tr> <tr> <td style="text-align: center; padding: 2px;">от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td> <td style="text-align: center; padding: 2px;">4</td> </tr> </tbody> </table>	Длина рида	Цифра	150-300 п.о.		от 10 000 до 30 000 п.о. и более		100-400 п.о.		от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)		около 35-75 п.о.		Температура	Цифра	150-300 п.о.	3	от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4	<p>Задание 2 <i>Прочитайте задание: Расположите в правильной последовательности стадии полногеномного секвенирования:</i></p> <p>а) оценка качества геномной ДНК б) выделение геномной ДНК в) фрагментация геномной ДНК г) биоинформационный анализ д) подготовка библиотек для секвенирования</p> <p>Ответ _____</p>	<p>Задание 3 <i>Внимательно прочтайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании Illumina:</p> <p>а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР</p> <p>Ответ _____</p> <p>Обоснование _____</p>	<p>Задание 4 <i>Прочтайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК методом Сэнгера.</p> <p>Эталонный ответ</p> <p>1) Метод основан на электрофоретическом разделении фрагментов ДНК, полученных в результате ограниченного синтеза цепи с одного праймера в присутствии как обычных, так и терминирующих нуклеотидов (меченых флуорисцентным красителем или обладающим радиоактивностью). В результате реакции терминирования образуются фрагменты, отличающиеся друг от друга в длину на один нуклеотид. В результате их разделения методом электрофореза восстанавливается</p>
Длина рида	Цифра																						
150-300 п.о.																							
от 10 000 до 30 000 п.о. и более																							
100-400 п.о.																							
от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)																							
около 35-75 п.о.																							
Температура	Цифра																						
150-300 п.о.	3																						
от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4																						

большого массива информации по биологическим объектам		100-400 п.о.	2		детекции сигнала, исходящего от так называемых «полоний», образующихся в результате мостиковой ПЦР <i>in silico</i> .	последовательность искомой цепи ДНК.								
		от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)	5											
		около 35-75 п.о.	1											
<i>ИДК ПК 1.2</i> Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.	Задание 5 <i>Прочитайте задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:</i> Установите соответствие между названием технологии и методом на котором она основана:	<table border="1"><thead><tr><th>Технология</th><th>Принцип</th></tr></thead><tbody><tr> <td>1) SOLiD</td><td>a) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами</td></tr> <tr> <td>2) Ion Torrent</td><td>b) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи</td></tr> <tr> <td>3) Illumina</td><td>v) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока</td></tr> </tbody></table>		Технология	Принцип	1) SOLiD	a) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами	2) Ion Torrent	b) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи	3) Illumina	v) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока	Задание 6 <i>Прочитайте задание. Расположите в правильной последовательности виды секвенирования ДНК в порядке их появления от самого первого до современного:</i> a) Полупроводниковое секвенирование б) Пиросеквенирование в) Нанопоровое секвенирование синтезом г) Секвенирование лигированием д) Секвенирование методом обрыва цепи по Сэнгенру	Задание 7 <i>Внимательно прочтите вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании BGI: а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР Ответ _____ Обоснование _____	Задание 8 <i>Прочтите задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Illumina.
Технология	Принцип													
1) SOLiD	a) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами													
2) Ion Torrent	b) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи													
3) Illumina	v) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока													
					Правильный ответ: в) Обоснование: Технология секвенирования ДНК компании BGI основана на отказе от амплификации ДНК с мультиплексирование —	Эталонный ответ Секвенирование ДНК по технологии Illumina — секвенирование путём синтеза цепи. ДНК образец разбивают на небольшие фрагменты с помощью физических или ферментативных методов и лигируют с адаптерами — последовательностями, которые обеспечивают прикрепление молекулы к поверхности твёрдой фазы и протекание реакции секвенирования. Каждый адаптер содержит участок, комплементарный олигонуклеотиду в проточной ячейке, а также молекулярный маркер — индекс. Индексы позволяют отличить один образец от другого и делают возможным мультиплексирование —								

	<p>4) Oxford Nanopore</p> <p>г) полупроводниковое секвенирование на основе измерения показателя pH</p> <table border="1"> <tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr><td></td><td></td><td></td><td></td></tr> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1"> <tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr><td>б</td><td>г</td><td>а</td><td>в</td></tr> </table>	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	б	г	а	в	<p>помощью ПЦР, дающей ошибки. Вместо ПЦР предлагается использовать так называемую амплификацию по типу катящегося шара, в которой в качестве матрицы используется кольцевая молекула ДНК. Таким образом матрицей для амплификации в каждом последующем цикле служит одна и та же молекула, что снижает риск мультиплексации ошибки, которая характерна для обычной ПЦР.</p>	<p>секвенирование нескольких образцов в одной проточной ячейке прибора. Фрагменты ДНК с адаптерами используют как матрицы для амплификации на твёрдой поверхности с помощью мостиковой ПЦР. В процессе секвенирования в проточную ячейку добавляют флуоресцентно меченные нуклеотиды, которые встраиваются в растущую цепь ДНК. В момент встраивания детектируется флуоресцентный сигнал, соответствующий одному из 4-х нуклеотидов.</p>
1)	2)	3)	4)																
1)	2)	3)	4)																
б	г	а	в																
<p><i>ИДК ОПК-1.3</i></p> <p>Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленными измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач</p>	<p>Задание 9</p> <p>Прочтите задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:</p> <p>Установите соответствие между видом полногеномного секвенирования и его средней стоимостью:</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Технология</th> <th>Описание технологии</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1) Секвенирование ДНК</td> <td>a) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.</td> </tr> <tr> <td>2) Редактирование геномов</td> <td>б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.</td> </tr> </tbody> </table>	Технология	Описание технологии	1) Секвенирование ДНК	a) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.	2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.	<p>Задание 10</p> <p>Прочтите задание. Расположите в правильной последовательности технологии полногеномного секвенирования по увеличению средней длины ридов:</p> <p>а) PacBio (SMRT) б) Ion Torrent в) Illumina г) SOLiD д) Oxford Nanopore</p> <p>Ответ:</p> <table border="1"> <tr><td></td><td></td><td></td><td></td></tr> </table>					<p>Задание 11</p> <p>Внимательно прочтите вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:</p> <p>В каких из перечисленных технологий секвенирования используется ДНК-полимераза:</p> <p>а) Секвенирование по Сэнгеру б) Полупроводниковое секвенирование в) Секвенирование лигированием г) Секвенирование полоний по технологии Illumina</p>	<p>Задание 12</p> <p>Прочтите задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ</p> <p>Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование).</p> <p>Эталонный ответ</p> <p>Принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование) основан на обнаружении ионов водорода, которые выделяются во время полимеризации ДНК. В каждую микролунку на полупроводниковом чипе, содержащую одну</p>					
Технология	Описание технологии																		
1) Секвенирование ДНК	a) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.																		
2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.																		

профессиональной деятельности	<p>3) Протеомика</p> <p>в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.</p> <p>4) Транскриптомика</p> <p>г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.</p>		<p>д) Нанопоровое секвенирование</p> <p>е) Секвенирование Максама-Гилберта</p> <p>Ответ: _____</p> <p>Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ: а), б), г), д)</p> <p>Обоснование: Для секвенирования методом лигирования вместо полимеразы используется другой фермент – лигаза, а метод Максама-Гилберта не использует классических ферментов молекулярной биологии и является методом на основе химической модификации секвенируемых молекул ДНК. В некоторые модификациях метода нанопорового секвенирования используется полимераза за замедления прохождения молекулы ДНК через пору.</p>	<p>подлежащую секвенированию одноцепочечную молекулу ДНК-матрицы и ДНК-полимеразу, последовательно заливают немодифицированные нуклеотиды одного типа (А, С, Г или Т). Если введённый нуклеотид комплементарен следующему непарному нуклеотиду на матричной цепи, он включается в растущую комплементарную цепь с помощью ДНК-полимеразы. Ион водорода, который выделяется в реакции, изменяет pH раствора, что обнаруживается ионным датчиком ISFET. Не прореагировавшие нуклеотиды вымываются перед следующим циклом, когда будут введены другие виды dNTP.</p>																
	<table border="1" data-bbox="640 568 1055 632"> <tr> <td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr> <td></td><td></td><td></td><td></td></tr> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1" data-bbox="640 703 1055 767"> <tr> <td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr> <td>в</td><td>б</td><td>а</td><td>г</td></tr> </table>	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	в	б	а	г			
1)	2)	3)	4)																	
1)	2)	3)	4)																	
в	б	а	г																	

Критерии оценки результатов тестирования

№	Тип задания	Критерии оценки	Результат оценивания
1	Задание закрытого типа на установление соответствие	Считается верным, если правильно установлены все соответствия (позиции одного столбца верно соотнесены с позициями другого столбца)	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
2	Задание закрытого типа на установление последовательности	Считается верным, если правильно указана вся последовательность цифр	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
3	Задание комбинированного типа с выбором одного верного ответа из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указана цифра (буква) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
4	Задание комбинированного типа с выбором нескольких верных ответов из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указаны цифры (буквы) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
5	Задание открытого типа с развернутым ответом	Считается верным, если ответ совпадает с эталонным ответом по содержанию и полноте	Полное соответствие эталонному ответу – 1 балл Соответствие общей сути эталонного ответа – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов

Процент результативности	Оцениваемые компетенции	Оценка	
		Балл (отметка)	Вербальный аналог
86 % - 100 %	ПК-1 ПК-2	5	отлично
71 % - 85 %		4	хорошо
51 % - 70 %		3	удовлетворительно
0 % - 50 %		2	неудовлетворительно

3. Оценочные материалы, используемые при проведении промежуточной аттестации (зачет)

К зачету допускаются студенты, выполнившие в полном объеме аудиторную нагрузку, самостоятельную работу, успешно сдавшие все предусмотренные формы текущего контроля. Студенты, имеющие задолженность по текущему контролю, должны выполнить все обязательные виды деятельности по учебному плану, и только затем допускаются к зачету.

Зачет проводится в форме **тестирования**. Примерный список вопросов для подготовки к выполнению тестовых заданий к зачету см. в программе «Геномные и постгеномные технологии».

Задания для тестирования

Индекс и содержание формируемой компетенции	Индикаторы компетенций	Тип задания для промежуточной аттестации																																
		Задание закрытого типа на установление соответствие	Задание закрытого типа на установление последовательности	Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из предложенных и аргументацией выбора	Задание открытого типа с развернутым ответом																													
<p><i>ПК-1</i> Способен творчески использовать и применять фундаментальные представления биологии, смежных дисциплин и современные методологические подходы для определения перспективных направлений научных исследований в сфере получения, изучения и применения различных природных, измененных природных биологических объектов, искусственных, организмов а также биомакромолекул, обработку и последующий анализ большого массива информации по</p>	<p><i>ИДК ПК 1.1</i> Знает актуальные проблемы, основные открытия в области изучения живых организмов и биологических систем различных уровней организации и способен использовать теоретические знания и умения в научно-исследовательской деятельности</p>	<p>Задание 1 <i>Прочитайте задание и укажите цифру, соответствующую длине рида:</i> Установите соответствие между типом полногеномного секвенирования и средней длиной рида:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. SOLiD 2. Ion Torrent 3. Illumina 4. PacBio (SMRT 5. Oxford Nanopore <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th>Длина рида</th> <th>Цифра</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>150-300 п.о.</td> <td></td> </tr> <tr> <td>от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td> <td></td> </tr> <tr> <td>100-400 п.о.</td> <td></td> </tr> <tr> <td>от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)</td> <td></td> </tr> <tr> <td>около 35-75 п.о.</td> <td></td> </tr> </tbody> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th>Температура</th> <th>Цифра</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>150-300 п.о.</td> <td>3</td> </tr> <tr> <td>от 10 000 до 30 000 п.о. и более</td> <td>4</td> </tr> <tr> <td>100-400 п.о.</td> <td>2</td> </tr> </tbody> </table>	Длина рида	Цифра	150-300 п.о.		от 10 000 до 30 000 п.о. и более		100-400 п.о.		от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)		около 35-75 п.о.		Температура	Цифра	150-300 п.о.	3	от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4	100-400 п.о.	2	<p>Задание 2 <i>Прочитайте задание</i> Расположите в правильной последовательности стадии полногеномного секвенирования:</p> <ol style="list-style-type: none"> а) оценка качества геномной ДНК б) выделение геномной ДНК в) фрагментация геномной ДНК г) биоинформационный анализ д) подготовка библиотек для секвенирования <p>Ответ</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <tr> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <tr> <td>б</td> <td>а</td> <td>в</td> <td>д</td> <td>г</td> </tr> </table>					б	а	в	д	г	<p>Задание 3 <i>Внимательно прочтайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании Illumina:</p> <ol style="list-style-type: none"> а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР <p>Ответ _____</p> <p>Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ</p> <p>б) Обоснование Технология компании Illumina основана на детекции сигнала,</p>	<p>Задание 4 <i>Прочтайте задание и запишите развернутый обоснованный ответ</i> Опишите принцип секвенирования ДНК методом Сэнгера.</p> <p>Эталонный ответ</p> <p>1) Метод основан на электрофоретическом разделении фрагментов ДНК, полученных в результате ограниченного синтеза цепи с одного праймера в присутствии как обычных, так и терминирующих нуклеотидов (меченых флуорисцентным красителем или обладающим радиоактивностью). В результате реакции терминирования образуются фрагменты, отличающиеся друг от друга в длину на один нуклеотид. В результате их разделения методом электрофореза восстанавливается</p>
Длина рида	Цифра																																	
150-300 п.о.																																		
от 10 000 до 30 000 п.о. и более																																		
100-400 п.о.																																		
от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)																																		
около 35-75 п.о.																																		
Температура	Цифра																																	
150-300 п.о.	3																																	
от 10 000 до 30 000 п.о. и более	4																																	
100-400 п.о.	2																																	
б	а	в	д	г																														

биологическим объектам	<table border="1" data-bbox="646 96 1057 249"> <tr> <td data-bbox="646 96 893 208">от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)</td><td data-bbox="893 96 1057 208">5</td></tr> <tr> <td data-bbox="646 208 893 249">около 35-75 п.о.</td><td data-bbox="893 208 1057 249">1</td></tr> </table>	от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)	5	около 35-75 п.о.	1		исходящего от так называемых «полоний», образующихся в результате мостиковой ПЦР <i>in silico</i> .	последовательность искомой цепи ДНК.						
от 10 000 п.о. до сотен тысяч п.о. (сверхдлинные риды)	5													
около 35-75 п.о.	1													
<p><i>ИДК ПК 1.2</i> Умеет использовать фундаментальные знания и современные методологические подходы для перспективных направлений научных исследований, построения информационных моделей и практических разработок в сфере профессиональной деятельности.</p>	<p>Задание 5 <i>Прочитайте задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:</i> Установите соответствие между названием технологии и методом на котором она основана:</p> <table border="1" data-bbox="646 557 1057 1483"> <thead> <tr> <th>Технология</th> <th>Принцип</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td data-bbox="646 589 893 954">1) SOLiD</td> <td data-bbox="893 589 1057 954">а) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами</td> </tr> <tr> <td data-bbox="646 954 893 1129">2) Ion Torrent</td> <td data-bbox="893 954 1057 1129">б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи</td> </tr> <tr> <td data-bbox="646 1129 893 1399">3) Illumina</td> <td data-bbox="893 1129 1057 1399">в) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока</td> </tr> <tr> <td data-bbox="646 1399 893 1483">4) Oxford Nanopore</td> <td data-bbox="893 1399 1057 1483">г) полупроводниковое</td> </tr> </tbody> </table>	Технология	Принцип	1) SOLiD	а) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами	2) Ion Torrent	б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи	3) Illumina	в) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока	4) Oxford Nanopore	г) полупроводниковое	<p>Задание 6 <i>Прочитайте задание Расположите в правильной последовательности виды секвенирования ДНК в порядке их появления от самого первого до современного:</i></p> <p>а) Полупроводниковое секвенирование б) Пиросеквенирование в) Нанопоровое секвенирование синтезом г) Секвенирование лигированием д) Секвенирование методом обрыва цепи по Сэнгенру</p> <p>Ответ: _____</p>	<p>Задание 7 <i>Внимательно прочтайте вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i> Какая из перечисленных методик используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии компании BGI:</p> <p>а) синтез ДНК с обрывом цепи (терминирование) б) мостиковая ПЦР в) амплификация по типу катящегося шара г) протягивание ДНК через пору д) эмульсионная ПЦР</p> <p>Ответ _____ Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ: в) Обоснование: Технология секвенирования ДНК компании BGI основана на отказе от амплификации ДНК с помощью ПЦР, дающей</p>	<p>Задание 8 <i>Прочтайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Illumina.</p> <p>Эталонный ответ Секвенирование ДНК по технологии Illumina — секвенирование путём синтеза цепи ДНК образец разбивают на небольшие фрагменты с помощью физических или ферментативных методов и лигируют с адаптерами — последовательностями, которые обеспечивают прикрепление молекулы к поверхности твёрдой фазы и протекание реакции секвенирования. Каждый адаптер содержит участок, комплементарный олигонуклеотиду в проточной ячейке, а также молекулярный маркер — индекс. Индексы позволяют отличить один образец от другого и делают возможным мультиплексирование — секвенирование нескольких</p>
Технология	Принцип													
1) SOLiD	а) Секвенирование полоний, полученных с помощью мостиковой ПЦР, методом синтеза цепи ДНК с терминирующими нуклеотидами													
2) Ion Torrent	б) Использование лигирования для роста секвенируемой цепи													
3) Illumina	в) секвенирование через нанопору на основе измерения показателя силы тока													
4) Oxford Nanopore	г) полупроводниковое													

		<p>секвенирование на основе измерения показателя pH</p> <table border="1"> <tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr><td></td><td></td><td></td><td></td></tr> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1"> <tr><td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr><td>б</td><td>г</td><td>а</td><td>в</td></tr> </table>	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	б	г	а	в	<p>ошибки. Вместо ПЦР предлагается использовать так называемую амплификацию по типу катящегося шара, в которой в качестве матрицы используется кольцевая молекула ДНК. Таким образом матрицей для амплификации в каждом последующем цикле служит одна и та же молекула, что снижает риск мультиплексации ошибки, которая характерна для обычной ПЦР.</p>	<p>образцов в одной проточной ячейке прибора. Фрагменты ДНК с адаптерами используют как матрицы для амплификации на твёрдой поверхности с помощью мостиковой ПЦР. В процессе секвенирования в проточную ячейку добавляют флуоресцентно меченные нуклеотиды, которые встраиваются в растущую цепь ДНК. В момент встраивания детектируется флуоресцентный сигнал, соответствующий одному из 4-х нуклеотидов.</p>
1)	2)	3)	4)																	
1)	2)	3)	4)																	
б	г	а	в																	
<p><i>ИДК ОПК-1.3</i></p> <p>Владеет навыками творческого применения методологических подходов для разработки моделей, новых технологий, материалов и биологических объектов с целенаправленно измененными свойствами, методов выработки практических рекомендаций для решения задач профессиональной деятельности</p>	<p>Задание 9</p> <p><i>Прочтите задание и запишите выбранные буквы под соответствующими цифрами:</i></p> <p>Установите соответствие между технологией и ее описанием:</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Технология</th> <th>Описание технологии</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1) Секвенирование ДНК</td> <td>a) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.</td> </tr> <tr> <td>2) Редактирование геномов</td> <td>б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.</td> </tr> </tbody> </table>	Технология	Описание технологии	1) Секвенирование ДНК	a) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.	2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.	<p>Задание 10</p> <p><i>Прочтите задание. Расположите в правильной последовательности технологии полногеномного секвенирования по увеличению средней длины ридов:</i></p> <p>a) PacBio (SMRT) б) Ion Torrent в) Illumina г) SOLiD д) Oxford Nanopore</p> <p><i>Ответ:</i></p> <table border="1"> <tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td></tr> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1"> <tr><td>г</td><td>б</td><td>в</td><td>а</td><td>д</td></tr> </table>						г	б	в	а	д	<p>Задание 11</p> <p><i>Внимательно прочтайте вопрос и выберите все возможные варианты ответа, обоснуйте свой выбор:</i></p> <p>В каких из перечисленных технологий секвенирования используется ДНК-полимераза:</p> <p>а) Секвенирование по Сэнгеру б) Полупроводниковое секвенирование в) Секвенирование лигированием г) Секвенирование полоний по технологии Illumina д) Нанопоровое секвенирование</p>	<p>Задание 12</p> <p><i>Прочтите задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i></p> <p>Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование).</p> <p>Эталонный ответ</p> <p>Принцип секвенирования ДНК по технологии Ion Torrent (полупроводниковое секвенирование) основан на обнаружении ионов водорода, которые выделяются во время полимеризации ДНК. В каждую микролунку на полупроводниковом чипе, содержащую одну подлежащую</p>
Технология	Описание технологии																			
1) Секвенирование ДНК	a) Изучение и анализ всех белков клетки, их количества, структуры и функций.																			
2) Редактирование геномов	б) Изменение последовательности ДНК в геноме с целью коррекции или внедрения новых генов.																			
г	б	в	а	д																

		<table border="1"> <tr> <td>3) Протеомика</td><td>в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.</td></tr> <tr> <td>4) Транскриптомика</td><td>г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.</td></tr> </table> <table border="1"> <tr> <td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr> <td></td><td></td><td></td><td></td></tr> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1"> <tr> <td>1)</td><td>2)</td><td>3)</td><td>4)</td></tr> <tr> <td>в</td><td>б</td><td>а</td><td>г</td></tr> </table>	3) Протеомика	в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.	4) Транскриптомика	г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.	1)	2)	3)	4)					1)	2)	3)	4)	в	б	а	г	<p>е) Секвенирование Максама-Гилберта</p> <p>Ответ: _____</p> <p>Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ: а), б), г), д)</p> <p>Обоснование: Для секвенирования методом лигирования вместо полимеразы используется другой фермент – лигаза, а метод Максама-Гилберта не использует классических ферментов молекулярной биологии и является методом на основе химической модификации секвенируемых молекул ДНК. В некоторые модификациях метода нанопорового секвенирования используется полимераза за замедления прохождения молекулы ДНК через пору.</p>	<p>секвенированию одноцепочечную молекулу ДНК-матрицы и ДНК-полимеразу, последовательно заливают немодифицированные нуклеотиды одного типа (А, С, Г или Т). Если введённый нуклеотид комплементарен следующему непарному нуклеотиду на матричной цепи, он включается в растущую комплементарную цепь с помощью ДНК-полимеразы. Ион водорода, который выделяется в реакции, изменяет pH раствора, что обнаруживается ионным датчиком ISFET. Не прореагировавшие нуклеотиды вымываются перед следующим циклом, когда будут введены другие виды dNTP.</p>
3) Протеомика	в) Анализ полной последовательности ДНК организма для выявления генов и их вариантов.																							
4) Транскриптомика	г) Изучение всех молекул РНК, включая мРНК, для оценки экспрессии генов в определенных условиях.																							
1)	2)	3)	4)																					
1)	2)	3)	4)																					
в	б	а	г																					
		<p>Задание 13 Прочтите задание. Расположите в правильной последовательности основные этапы анализа экспрессии генов с использованием технологии RNA-seq:</p>	<p>Задание 14 Внимательно прочтите вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор: Какая из перечисленных ПЦР используется для подготовки библиотек в секвенировании по технологии 454 Life</p>	<p>Задание 15 Прочтите задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ: Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии SOLiD (секвенирование лигированием).</p>																				

		<p>а) Подготовка библиотеки для секвенирования б) Биоинформационический анализ полученных последовательностей в) Секвенирование кДНК на платформе NGS г) Преобразование РНК в кДНК д) Извлечение РНК из клеточного образца</p> <p>Ответ:</p> <table border="1" style="margin-left: auto; margin-right: auto;"> <tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td></tr> </table> <p>Правильный ответ</p> <table border="1" style="margin-left: auto; margin-right: auto;"> <tr><td>д</td><td>г</td><td>а</td><td>в</td><td>б</td></tr> </table>						д	г	а	в	б	<p>Sciences (пиросеквенирование):</p> <p>а) стандартная ПЦР б) мостиковая ПЦР в) сборочная ПЦР г) инвертированная ПЦР д) эмульсионная ПЦР</p> <p>Ответ _____ Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ: д)</p> <p>Обоснование: Эмульсионная ПЦР (эмПЦР) — это разновидность полимеразной цепной реакции, при которой реакционная смесь разделяется на миллионы микрокапель в водно-масляной эмульсии, каждая из которых служит отдельным мини-ПЦР-реактором. Каждая такая капля, содержащая множество копий секвенируемой ДНК прикрепленных к поверхности специального шарика, в последствии подвергается реакции пиросеквенирования.</p>	<p>Главное отличие SOLiD от других технологий — использование лигирования вместо синтеза, и кодирование динуклеотидов через флуоресцентные метки, что повышает точность при обнаружении ошибок в секвенировании. К секвенируемой последовательности ДНК добавляют короткие восьминуклеотидные зонды с флуоресцентными метками. Первые два основания зонда комплементарны двум нуклеотидам на матрице. Лигаза прикрепляет зонд к праймеру. После каждого лигирования измеряется флуоресценция, которая кодирует пару нуклеотидов, затем зонд разрезается и отщепляется с 3'-конца, позволяя следующему циклу продолжить лигирование. Для повышения точности секвенирования проводится пять раундов с праймерами разной длины, что позволяет прочитывать каждый нуклеотид дважды. Полученные флуоресцентные сигналы интерпретируются в последовательность ДНК, обеспечивая высокую точность и объем данных.</p>
д	г	а	в	б										

			<p>Задание 16 <i>Внимательно прочтите вопрос и выберите правильный вариант ответа, обоснуйте свой выбор:</i></p> <p>Какая из перечисленных постгеномных технологий используется для мониторинга изменений в геноме или транскриптоме под воздействием различных условий, лекарств или заболеваний:</p> <p>а) технология на основе ДНК-микрочипов (Microarray) б) целевое секвенирование (target sequencing). в) анализ полиморфизма нуклеотида (SNP). г) секвенирование геномов отдельных клеток и органелл (Single cell sequencing) д) нанопоровое секвенирование</p> <p>Ответ _____ Обоснование _____</p> <p>Правильный ответ: а)</p>	<p>Задание 17 <i>Прочтите задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i></p> <p>Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии Oxford Nanopore (нанопоровое секвенирование).</p> <p>Эталонный ответ Принцип секвенирования ДНК по технологии Oxford Nanopore основан на прохождении молекулы ДНК или РНК через нанопору — белковое отверстие в мембране с диаметром в несколько нанометров под воздействием электрического поля. При прохождении нуклеиновой кислоты через нанопору происходит изменение ионного тока, которое зависит от последовательности нуклеотидов. Эти изменения фиксируются в реальном времени и преобразуются в информацию о последовательности нуклеотидов.</p>
--	--	--	-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

				<p>Обоснование: Мониторинг изменений в геноме или транскриптоме под действием внешних факторов подразумевает анализ сразу нескольких тысяч последовательностей ДНК или РНК. Наиболее эффективно с этой задачей справляется технология ДНК-микрочипов (Microarray), которая позволяет анализировать тысячи целевых молекул без параллельного анализа «мусорной» ДНК или ДНК с неизвестными функциями, которая является обязательным атрибутом при полногеномном секвенировании.</p>	
					<p>Задание 18 <i>Прочтайте задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии PacBio (нанопоровое секвенирование).</p> <p>Эталонный ответ Принцип секвенирования ДНК по технологии PacBio (Single Molecule Real-Time Sequencing, SMRT) основывается на</p>

наблюдении за синтезом новой цепи ДНК отдельной молекулой ДНК-полимеразы в реальном времени. Секвенируемая двухцепочечная молекула ДНК снабжается адаптерами и подвергается циклизации. Полученная кольцевая ДНК в комплексе с ДНК-полимеразой (SMRTbell) помещается в крошечные наноколодцы (Zero Mode Waveguides, ZMW), которые подсвечиваются лазером с разных длин волн. В процессе синтеза комплементарной цепи ДНК к цепи-матрице полимераза добавляет нуклеотиды, меченные флуоресцентными метками. Каждое добавление основания фиксируется детекторами в реальном времени по световому сигналу при прохождении через ZMW. Полученные данные позволяют определить последовательность нуклеотидов и выявить модификации, а многократное чтение кольцевой ДНК повышает точность секвенирования. Технология PacBio позволяет получать очень длинные риды (до 20-30 тыс. нуклеотидов и более), что важно для сборки сложных

					геномов и анализа структурных вариаций.
					<p>Задание 19 <i>Прочтите задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i> Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии DNBSEQ (MGI)</p> <p>Эталонный ответ Принцип секвенирования MGI (технология DNBSEQ) основан на создании кольцевой одноцепочечной ДНК, которая с помощью амплификации по типу катящегося кольца (Rolling Circle Amplification, RCA) преобразуется в уникальные структуры — ДНК-шарики (DNA Nanoballs, DNB). Далее ДНК-шарики иммобилизуют на поверхность чипа в плотных рядах. Затем происходит секвенирование методом синтеза с использованием флуоресцентно меченых нуклеотидов. Технология позволяет минимизировать количество ошибок за счет отказа от традиционной ПЦР и использования высокоточной полимеразы.</p>
					<p>Задание 20 <i>Прочтите задание и запишите развёрнутый обоснованный ответ:</i></p>

Опишите принцип секвенирования ДНК по технологии 454 Life Sciences (пиросеквенирование)

Эталонный ответ
Принцип полногеномного секвенирования по технологии 454 Life Sciences (пиросеквенирование) основан на регистрации высвобождения пирофосфата, который образуется при встраивании нуклеотида в синтезируемую цепь ДНК полимеразой. В реакции секвенирования используются несколько ферментов. ДНК-полимераза используется для удлинения комплементарной цепи ДНК. АТФ-сульфурилаза превращает пирофосфат (PPi) в АТФ в присутствии аденоzin-5'-фосфосульфата. Люцифераза использует АТФ для преобразования люциферина в оксилюциферин, который представляет собой молекулу, излучающую видимый свет. Апираза разрушает некорпоративные нуклеотиды.

Критерии оценки результатов тестирования

№	Тип задания	Критерии оценки	Результат оценивания
1	Задание закрытого типа на установление соответствия	Считается верным, если правильно установлены все соответствия (позиции одного столбца верно соотнесены с позициями другого столбца)	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
2	Задание закрытого типа на установление последовательности	Считается верным, если правильно указана вся последовательность цифр	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
3	Задание комбинированного типа с выбором одного верного ответа из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указана цифра (буква) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
4	Задание комбинированного типа с выбором нескольких верных ответов из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указаны цифры (буквы) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Совпадение более половины вариантов с верным ответом – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов
5	Задание открытого типа с развернутым ответом	Считается верным, если ответ совпадает с эталонным ответом по содержанию и полноте	Полное соответствие эталонному ответу – 1 балл Соответствие общей сути эталонного ответа – 0,5 балла Все остальные случаи – 0 баллов

Процент результативности	Оцениваемые компетенции	Оценка	
		Балл (отметка)	Верbalный аналог
86 % - 100 %	ПК-1 ПК-2	5	отлично
71 % - 85 %		4	хорошо
51 % - 70 %		3	удовлетворительно
0 % - 50 %		2	неудовлетворительно

Разработчик:

доцент Павличенко В.В.

(подпись)