

Министерство образования и науки Российской Федерации
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ

**“НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
УНИВЕРСИТЕТ ИТМО”**

Р А С П О Р Я Ж Е Н И Е

«10» июня 2025 года

№ 6

O порядке проведения аттестационного испытания

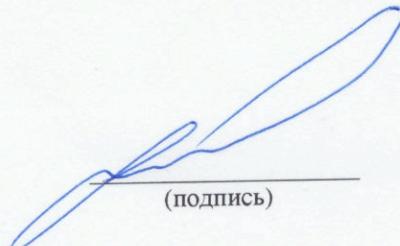
Для осуществления переводов/восстановлений обучающихся ПРИКАЗЫВАЮ:

Утвердить порядок проведения аттестационного испытания в рамках осуществления переводов/восстановлений обучающихся в подразделение Передовая инженерная школа ИТМО интердисциплинарного инжиниринга по направлениям подготовки магистратуры 19.04.01 Биотехнология и 06.04.01 Биология.

ПРИЛОЖЕНИЕ 1. Банк тестовых заданий с критериями оценивания.

ПРИЛОЖЕНИЕ 2. Система перевода показателей учебно-научной активности студентов в балльно-рейтинговую систему.

Директор ПИШ



(подпись)

А.В. Виноградов
(ФИО)

ПРИЛОЖЕНИЕ 1

Приложение к распоряжению от 10.07.2025 №6

Банк тестовых заданий

по образовательной программе 06.04.01, 19.04.01 «Прикладная геномика»

1. Напишите команды Unix, чтобы создать папку, переместить и удалить ее вместе с содержимым.
2. Выберите расширение файла с информацией о ридах (прочтениях).
 - а) gff
 - б) faa
 - в) fastq
 - г) gbk
3. Какая программа может быть использована для фильтрации ридов от адаптеров?
 - а) Prokka
 - б) TOGA
 - в) QUAST
 - г) Trimmomatic
4. Какая шкала используется для записи информации о качестве нуклеотидов в риде? Эта шкала используется для построения графика “Per base quality” в программе FastQC.
5. Какие из следующих параметров относятся к оценке качества ридов?
 - а) содержание адаптеров
 - б) GC состав
 - в) качество нуклеотидов в последовательности
 - г) длина самого протяженного контига
6. Упорядочьте следующие последовательности в порядке увеличения их длин (от самой короткой к самой длинной): контиг, рид, скаффолд.
7. Расположите этапы алгоритма сборки генома в правильном порядке. В своем ответе напишите последовательность букв без запятых и пробелов (например: абвгде).
 - а) сборка скаффолов,
 - б) контроль качества сборки,
 - в) подготовка библиотеки,
 - г) контроль качества ридов,
 - д) сборка контигов,
 - е) секвенирование
8. Напишите как минимум три метрики для оценки качества геномной сборки (например, из отчета QUAST).
9. Как вы думаете, данная сборка может быть рассмотрена как высококачественная? Объясните вашу точку зрения.

```
# contigs (>= 0 bp)      1
# contigs (>= 1000 bp)   1
# contigs (>= 5000 bp)   1
# contigs (>= 10000 bp)  1
# contigs (>= 25000 bp)  1
# contigs (>= 50000 bp)  1
Total length (>= 0 bp)  4646332
Total length (>= 1000 bp) 4646332
Total length (>= 5000 bp) 4646332
Total length (>= 10000 bp) 4646332
Total length (>= 25000 bp) 4646332
Total length (>= 50000 bp) 4646332
# contigs      1
Largest contig  4646332
Total length  4646332
GC (%) 50.80
N50 4646332
N75 4646332
L50 1
L75 1
# N's per 100 kbp    0.00
```

10. Укажите как минимум один инструмент (одну программу) для оценки качества геномной сборки.
11. Напишите команду Python, которая выводит строку “Hello, World!”. Обратите внимание на пунктуацию.
12. Чему будет равняться x после x = 10; x += 1; x = x * 2 (Python)?
13. Какие типы РНК вы знаете?
14. Сколько генов в геноме человека?
 - а) 10.000 - 15.000
 - б) 20.000 - 25.000
 - в) 30.000 - 35.000
 - г) 40.000 - 45.000
15. Бита и мяч вместе стоят \$110. Цена биты на \$100 больше цены мяча. Сколько стоит мяч?
16. Если вероятность получения заболевания равна 20 из 100, какова вероятность получения заболевания в процентах?
17. Для чего используются поли-Т праймеры и поли-А праймеры?
18. Выберите название процесса синтеза РНК по матрице ДНК.
 - а) репликация
 - б) транскрипция
 - в) трансляция
 - г) дупликация
19. Какая команда используется для прерывания бесконечного цикла в Python?
 - а) stop
 - б) continue
 - в) false
 - г) break
20. Какая из этих команд создает файл?
 - а) touch file.txt
 - б) less file.txt
 - в) update file.txt
 - д) rm file.txt
21. Что происходит, если вставка T > AG появляется в последовательности (замена одного нуклеотида двумя)? Как это может влиять на транскрипцию и последующую трансляцию этой последовательности?

22. Как неизвестные нуклеотиды обозначаются в последовательности?

- а) А
- б) Т
- в) Н
- г) С

23. Из каких двух смысловых частей состоит нуклеотидный fasta файл (.fna)?

- а) имя последовательности и ее нуклеотидный сиквенс
- б) имя гена и его длина
- в) аминокислотная последовательность белка и его функция
- г) старт и стоп кодоны

24. Что из следующего не является стоп кодоном?

- а) UAA
- б) UGG
- в) UAG
- г) UGA

25. Какая органелла выполняет синтез белка на основе мРНК?

26. В чем отличие (отличия) между прокариотами и эукариотами?

27. Какая область биоинформатики изучает совокупность генов организма?

- а) Метагеномика
- б) Геномика
- в) Протеомика
- г) Транскриптомика

28. Какой оператор используется для объявления функций в Python?

- а) for
- б) def
- в) func
- г) function

29. Укажите название документа, который описывает правила написания кода в Python.

30. Сочетание трех последовательных нуклеотидов в молекуле нукleinовой кислоты называется:

- а) дуплекс
- б) трипаносома
- в) триплет

31. Расставьте круглые скобки в выражении в порядке, в котором оно вычисляется (приоритетности операций):

a and b or not a and not b

32. Укажите результат выражения "354" + "67" (Python).

33. Каким будет результирующее значение выражения 1 + "ab"?

- а) "1ab"
- б) 1ab
- в) 1"ab"
- г) TypeError

34. Какая функция Python конвертирует тип данных список (list) в набор (set)?

35. Что из представленного ниже НЕ является именем переменной согласно PEP8?

- а) 123name
- б) my-name
- в) my_name
- г) my name

Формат проведения: опрос посредством Гугл-формы

Количество вариантов: вариант тестового задания формируется в случайном порядке из банка вопросов

Количество вопросов/заданий в одном варианте: 15

Время выполнения: 45 минут

Система оценивания

Полнота ответа на вопрос/задание	Количество баллов
полный правильный ответ	2 балла
частично правильный ответ	1 балл
полностью неверный (или отсутствующий) ответ	0 баллов

Минимальное количество баллов за выполнение варианта тестового задания – 0.

Максимальное количество баллов за выполнение варианта тестового задания – 30.

Студент, набравший 50 % и более баллов (15 и более баллов из 30 возможных), успешно проходит аттестационное испытание.

Студент, набравший менее 50 % баллов (менее 15 баллов из 30 возможных), считается не прошедшим аттестационное испытание и не готовым к освоению образовательной программы.

ПРИЛОЖЕНИЕ 2

Приложение к распоряжению от 10.07.2025 № 6

Система перевода показателей в балльно-рейтинговую систему

Показателем учебно-научной активности студентов является наличие достижений в учебной, научно-исследовательской, общественной, культурно-творческой и спортивной деятельности.

Для осуществления ранжирования студентов в общем списке в случае конкурса на вакантные бюджетные места при условии одинакового балла по тестированию и среднему баллу, а также при условии равенства академической разницы, показатель учебно-научной активности студентов переводится в балльно-рейтинговую систему согласно таблице ниже.

В случае если студент не проходит аттестационное тестирование, он считается не прошедшим аттестационное испытание, и баллы по показателю не учитываются.

Система перевода показателя учебно-научной активности студентов в балльно-рейтинговую систему

№	Показатель	Критерий измерения	Балл
1	Наличие достижений	победитель или призер международных олимпиад / соревнований	3 за каждое достижение
		наличие статьи в журнале, рецензируемом базой Scopus, Web of Science	3 за каждое достижение
		участие в международной конференции/симпозиуме	3 за каждое достижение
		победитель или призер всероссийских олимпиад / соревнований	2 за каждое достижение
		наличие статьи в журнале, рецензируемом ВАК	2 за каждое достижение
		участие во всероссийской конференции/симпозиуме	2 за каждое достижение

	победитель или призер региональных или внутривузовских олимпиад / соревнований	1 за каждое достижение
	наличие статьи в журнале, рецензируемом РИНЦ	1 за каждое достижение
	участие в региональной/внутривузовской конференции/симпозиуме	1 за каждое достижение
	прочие достижения	1 за каждое достижение
	нет достижений	0