

ЗАТВЕРДЖУЮ
Ректор Приватної установи
«Університет «Київська школа
економіки»
_____ Тимофій БРІК
«26» травня 2025 року

ПРОГРАМА
фахового іспиту
при прийомі на навчання для здобуття другого (магістерського) рівня вищої
освіти

освітня програма	«Біоінформатика та аналіз біомедичних даних»
спеціальність	G21 Біотехнології та біоінженерія
галузь знань	G Інженерія, виробництво та будівництво

Київ, 2025



I. Загальні положення

1. Цільова аудиторія	Фаховий іспит можуть проходити особи, які беруть участь у конкурсному відборі на навчання для здобуття ступеня магістра на основі здобутого ступеня бакалавра/магістра (спеціаліста) за кошти фізичних/юридичних осіб, відповідно до розділу VII Порядку прийому на навчання для здобуття вищої освіти в 2025 році, затвердженого наказом Міністерства освіти і науки України від 10 лютого 2025 року № 168.
2. Мета співбесіди	Визначити фаховий рівень вступника(-ці), його/її професійний та дослідницький потенціали, коло професійних інтересів, рівень мотивації до навчання на освітній програмі. Перевірити обізнаність: (I) вступників, що мають професійну підготовку у природничих науках, щодо знань з молекулярної біології, біохімії, генетики та відповідних сучасних методів досліджень у біології; (II) у вступників що мають професійну підготовку у інформаційних технологіях, щодо знань із основ статистики, аналізу даних, комп'ютерного моделювання, основ використання мов програмування.
3. Формат іспиту	Фаховий іспит проводиться у форматі усної співбесіди англійською мовою на платформі Zoom. Співбесіда складається з трьох логічних блоків: 1. Мотивація та цінності: запитання щодо кар'єрних цілей, досвіду командної роботи, міждисциплінарної взаємодії, самонавчання, цінностей та викликів. 2. Попередній дослідницький досвід: обговорення попереднього академічного або наукового досвіду вступника (курсний проєкт, бакалаврська робота, участь у дослідницьких програмах, стажування тощо), з фокусом на методи дослідницької роботи та вміння інтерпретувати отримані результати. 3. Фахові знання: теоретичні запитання, обрані з відповідного тематичного переліку з врахуванням попередньої кваліфікації абітурієнта(-ки).
4. Тривалість іспиту	30 хвилин



II. Запитання для підготовки до фахового іспиту

Мотивація та цінності

1. Чому Ви вирішили вступати на програму з біоінформатики?
2. Які навички або знання, здобуті під час попереднього навчання/роботи, Ви вважаєте найбільш корисними для успішного опанування біоінформатики?
3. У чому Ви бачите найбільшу силу свого фахового бекграунду — і як вона може посилити Вашу участь у міждисциплінарному середовищі?
4. Яких професійних або особистих результатів Ви прагнете досягти завдяки навчанню на магістерській програмі з біоінформатики?
5. Які професійні можливості Ви хочете відкрити для себе завдяки цій програмі, і як вони відповідають Вашим особистим пріоритетам?
6. У чому полягає Ваша довгострокова мета, і яку роль навчання в KSE має відіграти в її досягненні?
7. У яких аспектах попередня підготовка дала Вам перевагу для освоєння міждисциплінарного підходу?
8. Які галузі біоінформатики Вас найбільше цікавлять для професійної реалізації — і чому?
9. Чи були у Вас раніше предмети або теми, що давались важко під час попередніх рівнів освіти? Як Ви працювали над їх засвоєнням і що допомогло Вам подолати ці труднощі?
10. Яке навчальне завдання чи курс Ви вважаєте для себе найскладнішим досвідом — і чому?
11. Яке рішення у Вашому навчальному або професійному досвіді Ви вважаєте найбільш важливим? Чому?
12. Опишіть ситуацію, коли Ви не погоджувались із діями колег, викладача або керівника — як Ви відстоювали свою позицію?
13. У яких ситуаціях Ви вважаєте допустимим порушення встановлених процедур або правил? А в яких — ні?
14. У Вашій команді один з учасників скопіював частину тексту з відкритого джерела без посилання, і ви це помітили вже перед дедлайном. Що б Ви зробили в такій ситуації?
15. Ви маєте доступ до набору генетичних даних пацієнтів. Які дії Ви вважаєте неприйнятними в роботі з такими даними? Як забезпечити етичне поводження з ними?
16. Під час аналізу даних у курсовому проєкті виявлено, що одна серія результатів не «підходить» під гіпотезу. Один з колег пропонує виключити її як «аномальну». Опишіть Ваші дії?
17. Ви працюєте над спільною статтею з компанією, яка фінансує дослідження, але має комерційний інтерес до результату. Опишіть Ваші дії.
18. Чи допустимо, на Вашу думку, використовувати автоматизовані системи для аналізу або написання тексту? У яких випадках, на Вашу думку, використання ШІ прирівнюється до порушення академічної доброчесності, а в яких ні?
19. Якщо під час спільної роботи хтось вносить вклад у написання коду або аналіз даних, але не бере участі в написанні тексту — чи має він бути вказаний серед авторів?



20. Який момент академічної/професійної невдачі Ви згадуєте як найбільш цінний досвід?

Попередній дослідницький досвід

1. Опишіть дослідницький проєкт, у якому ви брали участь. У чому полягала ваша роль?
2. Які інструменти, методи чи підходи ви використовували у дослідженні (наприклад, лабораторні методи, статистичний аналіз)?
3. Як ви формулювали дослідницьке запитання або гіпотезу? Якою була логіка побудови експерименту?
4. Як ви перевіряли якість та надійність зібраних/отриманих даних?
5. Які типи помилок ви враховували у своєму дослідженні? Як ви намагалися їх мінімізувати?
6. Чи доводилося вам адаптувати методологію під час реалізації проєкту? Які причини зумовили цю зміну?
7. Якщо ви застосовували статистичні тести або методи валідації — як ви обирали відповідні, і як перевіряли коректність їх використання?
8. Опишіть ситуацію, коли ваші власні припущення виявились хибними. Як ви це виявили і як вплинула ця ситуація на хід роботи?
9. Якщо в дослідженні використовувалися великі обсяги даних — як ви організували структуру зберігання, обробки та архівації цих даних?
10. Якщо дослідницька робота передбачала роботу з чутливими/персональними даними — які заходи ви вживали для забезпечення етичності та конфіденційності?

Спеціальні знання

Для вступників, що мають професійну підготовку у природничих науках

1. ДНК. Геноміка. Структура нуклеотиду. Структура ДНК. Спрямованість нитки ДНК. Принцип комплементарності. ДНК-полімераза та реплікація. ПЛР (Полімеразна ланцюгова реакція). Структура гена у прокаріотів та еукаріотів. Оперони та регулятори. Типи мутацій. Інфекційні агенти, геном яких представлений ДНК. Редагування геному: молекулярні інструменти для маніпуляцій з ДНК. Геномний рівень клітини: що він визначає. Технології секвенування ДНК.
2. Модифікації ДНК. Епігеноміка. Типи модифікацій ДНК. Гістони. Типи модифікацій гістонів. Їх вплив на експресію генів. Рівень епігеноміки клітини: що він визначає. Методи визначення модифікацій (метилування) ДНК. Методи секвенування, що дозволяють визначити модифікації ДНК.
3. РНК. Транскриптоміка. Структура РНК. Типи молекул РНК в клітині та їх функції. Відмінність мРНК у прокаріотів від еукаріотів. Рибозими. РНК-полімераза та транскрипція. Інфекційні агенти, геном яких представлений РНК. Технологія синтезу мРНК in vitro. Транскриптомний рівень клітини: що він визначає. Технології секвенування РНК.
4. Білки. Протеоміка. Структура амінокислоти. Фізико-хімічні властивості амінокислот. Будова білка. Функції білків. Ферменти. Трансляція білків у



прокаріотів та еукаріотів. Рибосоми. Генетичний код. Рамки зчитування. ORF (Відкрита рамка зчитування). Центральна догма молекулярної біології в історичній перспективі та її спростування. Протеомний рівень клітини: що він визначає. Мас-спектрометрія та хроматографія.

5. Посттрансляційні модифікації білків. Типи посттрансляційних модифікацій білків. Механізми передачі сигналу в клітинах.
6. Малі метаболіти. Метаболоміка. Структура вуглеводів та ліпідів. Центральні шляхи метаболізму: гліколіз та цикл Кребса. Окислювальне та субстратне фосфорилування. NAD/NADP та АТФ. Метаболічний рівень клітини: що він визначає.
7. Клітинний рівень організації. Відмінності між бактеріальними, архейними та еукаріотичними клітинами. Клітинні органели та їх функції. Одноклітинні та багатоклітинні організми. Віруси як неклітинна форма організації. Клітинний цикл.
8. Тканинний рівень організації. Типи тканин в організмі людини. Диференціація клітин. Технології, що дозволяють вивчати поодинокі клітини.
9. Рівні організації систем органів. На прикладі імунної системи. Вроджений імунітет. Адаптивний імунітет. Типи антитіл. Т- та В-клітини. Вакцини.
10. Популяційний рівень організації. Генетичні варіації. Гетерозиготність, поліморфізм. Молекулярні маркери. SNPs (Однонуклеотидні поліморфізми). Частоти алелів. Рівняння Харді-Вайнберга. Потік генів. Генетичний дрейф і відбір. Пангеноми.
11. Біоінформатичні формати та типи даних. Структура та призначення основних форматів біологічних даних: FASTA, FASTQ, SAM/BAM, VCF (генетичні варіанти). Поняття рідів, покриття (coverage), якість зчитування (Phred score). Принципи зберігання, обробки та фільтрації біоінформатичних даних.
12. Прикладна генетика та клінічна біоінформатика. Клінічно значущі варіанти, мутації з патогенним потенціалом. Генетичні панелі, застосування секвенування в діагностиці. Приклади генів, пов'язаних із захворюваннями: BRCA1/2, CFTR, HBB. Поняття «варіант невідомого клінічного значення» (VUS).
13. Етичні та правові аспекти генетичних досліджень. Інформована згода в генетичному тестуванні. Захист персональних даних. Етичні ризики використання генетичної інформації (дискримінація, стереотипізація). Принципи біоетики: автономія, конфіденційність, користь, справедливість. Виклики відкритого доступу до біомедичних даних.

Для вступників, що мають професійну підготовку у галузі комп'ютерних наук, математики або інженерії

1. Типи даних. Прості типи (цілі, дійсні, логічні). Структуровані типи: масиви, списки, словники, множини. Робота з табличними даними. Обробка відсутніх значень та помилкових записів.
2. Абстрактні типи та структури. Стек, черга, пріоритетна черга. Зв'язані списки. Деревя та їхні типи (бінарні, AVL, В-деревя). Графи: представлення, обхід (DFS, BFS), алгоритми на графах (пошук шляху, топологічне сортування).
3. Алгоритми та їх складність. Пошук, сортування (QuickSort, MergeSort, HeapSort). Динамічне програмування. Жадібні алгоритми. Оцінка складності алгоритмів (Big O, Omega, Theta).



4. Основи програмування. Python: синтаксис, змінні, оператори, умовні конструкції, цикли. Робота з файлами, регулярні вирази, обробка рядків. Створення та виклик функцій. Імпорт модулів. Робота з вбудованими модулями (math, os, sys, random тощо)
5. Функціональне та об'єктно-орієнтоване програмування. Основи ООП: класи, об'єкти, спадкування, поліморфізм. Lambda-функції. Рекурсія.
6. Операційні системи. Поняття процесу, потоків, планувальників. Пам'ять: стек, купа, сегментація. Файлова система. Linux-команди. Shell-скрипти для автоматизації. Bash vs Python.
7. Бази даних. Реляційна модель. SQL: SELECT, JOIN, GROUP BY, агрегатні функції. Нормалізація. Індеси. Концепції транзакцій та ACID. Основи NoSQL (ключ-значення, документоорієнтовані БД).
8. Комп'ютерні мережі. Моделі OSI та TCP/IP. Протоколи: HTTP, FTP, DNS. IP-адресація. Клієнт-серверна архітектура. API-запити, REST.
9. Системи контролю версій. Основи Git. Створення репозиторіїв, коміти, гілки, злиття. GitHub як платформа для спільної розробки.
10. Математичний аналіз. Похідна, інтеграл. Поняття границі. Числові ряди. Ряди Тейлора. Диференціальні рівняння (оглядово). Основи лінійної алгебри: матриці, визначники, власні значення.
11. Дискретна математика. Теорія множин. Логіка (булева алгебра, висловлювання, квантори). Комбінаторика. Біноміальні коефіцієнти. Теорія графів. Перестановки, розміщення, комбінування.
12. Теорія ймовірностей. Події, ймовірності, незалежність. Схема Бернуллі. Закон великих чисел. Умовна ймовірність. Формула Байєса.
13. Описова статистика. Середнє, медіана, мода, дисперсія, стандартне відхилення. Варіаційні ряди. Гістограми, boxplot. Аномалії. Зміщення, асиметрія, ексцес.
14. Індуктивна статистика. Формулювання гіпотез. P-value. Статистичні тести: t-тест, F-тест, χ^2 , тест Манна-Уїтні. Багатовимірна статистика. Стандартизація.
15. Лінійна регресія. Модель, оцінка параметрів, коефіцієнт детермінації. Багатофакторна регресія. Аналіз залишків. Регуляризація (L1, L2).
16. Машинне навчання. Класифікація, регресія, кластеризація. Метод опорних векторів (SVM), дерева рішень, Random Forest, K-Means. Overfitting та крос-валідація. Метрики: accuracy, precision, recall, ROC-AUC.
17. Зниження розмірності. PCA, t-SNE, UMAP. Пояснення дисперсії. Застосування в підготовці до кластеризації або візуалізації.
18. Побудова аналітичних пайплайнів. Зчитування даних, їх обробка, агрегація, візуалізація. Створення репродуктивного коду. Організація структури проєкту (дані, скрипти, звіти).
19. Основи репродуктивного аналізу. Робота в середовищах Jupyter/RMarkdown. Документування коду. Створення звітів, відтворення результатів. Основи CI/CD.
20. Основні типи біологічних даних: нуклеотидні послідовності (ДНК, РНК), амінокислотні послідовності білків. Типові формати біологічних даних: FASTA, FASTQ, SAM/BAM, VCF, GTF, GSEA.

III. Критерії оцінювання

Індивідуальна співбесіда складається з п'яти запитань, які охоплюють усі три змістовні блоки:



- мотивація та цінності;
- попередній дослідницький досвід;
- фахові знання (відповідно до попередньої освіти вступника).

Комісія зобов'язана поставити принаймні одне запитання з кожного блоку. Кожне з основних запитань може супроводжуватися уточнюючими або навідними питаннями. Співбесіда оцінюється фаховою атестаційною комісією шляхом заслуховування відповідей на поставлені питання. Максимальна оцінка за одне запитання — 40 балів. Сума балів за всі п'ять запитань становить максимум 200 балів. Фінальна оцінка за співбесіду визначається як середнє арифметичне оцінок усіх членів атестаційної комісії.

Для визнання результату співбесіди позитивним вступник повинен набрати не менше 120 балів із 200.

Балів	Критерії оцінювання відповіді
36–40	Відповідь є повною, логічною, добре структурованою; вступник(ця) демонструє глибоке розуміння теми, застосовує терміни коректно, наводить аргументовані приклади або контрпозиції; чітко формулює власну позицію; демонструє рефлексію та критичне мислення.
30–35	Відповідь є зрозумілою, в основному структурованою; вступник(ця) демонструє достатній рівень розуміння теми, але може допускати незначні неточності або недостатньо деталізує приклади; використання термінології в цілому коректне.
20–29	Відповідь частково розкриває суть питання; вступник(ця) демонструє загальне розуміння теми, однак припускається помітних спрощень або неповного аналізу; терміни вживаються з помилками або невпевнено; відсутні приклади або вони нечіткі.
10–19	Відповідь є фрагментарною або поверхневою; вступник(ця) демонструє лише часткове розуміння питання; відповіді можуть бути непослідовними, без чіткого обґрунтування; наявні суттєві помилки або нерелевантні приклади.
0–9	Відповідь відсутня або не розкриває зміст запитання; вступник(ця) демонструє нерозуміння теми або надає недоречну відповідь; використання термінів є некоректним або відсутнє; немає логіки викладу.



IV. Формат проведення фахового іспиту

Регламент організації та проведення фахового іспиту за освітньою програмою «Біоінформатика та аналіз біомедичних даних» (з використанням платформи Zoom).

1. Дані для дистанційного доступу до платформи Zoom (посилання, ID конференції, пароль доступу) надсилаються вступнику/ці на електронну пошту, зазначену при реєстрації, не пізніше ніж за день до іспиту.
2. У день проведення іспиту вступник/ця має приєднатися до Zoom-конференції за 5–10 хвилин до призначеного часу. До початку співбесіди всі вступники перебувають у «кімнаті очікування» (waiting room) та допускаються до розмови індивідуально у призначений час.
3. До початку фахового іспиту вступник/ця зобов'язаний(-а) увімкнути камеру та мікрофон, перевірити їх працездатність, а також пред'явити документ, що посвідчує особу (паспорт або ID-картку).
4. За потреби члени фахової комісії можуть попросити змінити кут камери або показати робоче місце вступника/ці. Під час фахового іспиту заборонено користуватися будь-якими матеріалами або сторонніми Інтернет-ресурсами. Недотримання формату проведення вступного іспиту та/або вимог академічної доброчесності унеможливають участь вступника/ці у конкурсному відборі.
5. Складання вступни(цею)ком фахового іспиту фіксується за допомогою технічних засобів відеозапису платформи Zoom. Аудіо- або відеозаписи зберігаються протягом терміну, визначеного Правилами прийому на навчання для здобуття вищої освіти в 2024 році у Приватній установі «Університет «Київська школа економіки», для подання апеляції на результати фахових іспитів та її розгляду
6. У разі втрати інтернет-з'єднання під час іспиту вступник/ця повинен(-на) одразу повідомити про це координатора іспиту.

Примітка: Київська школа економіки дотримується принципів академічної доброчесності, і очікує того самого від вступників. Контроль за дотриманням академічної доброчесності здійснюється через технічні засоби Zoom.

V. Перелік літератури для підготовки

1. Alberts, B., Heald, R., Johnson, A., Morgan, D., Raff, M., Roberts, K., Walter, P., Wilson, J., & Hunt, T. (2022). *Molecular biology of the cell* (7th ed.).
2. W. W. Norton & Company. *Molecular cloning : a laboratory manual*, 3rd ed. – 2001 by Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York – Vol. 1, 2222
3. Lesk A.M. (2014) *Introduction to bioinformatics* (Fourth edition). — Oxford University Press — 440 p.
4. Palsson B.O. *Systems Biology. Constraint-based Reconstruction and Analysis*. Cambridge University Press. — 2015. — 531 p.
5. Matloff, N. (2011). *The Art of R Programming: A Tour of Statistical Software Design*. No Starch Press.
6. VanderPlas, J. (2016). *Python Data Science Handbook*. O'Reilly Media.
7. Huber, W. & Holmes, S. (2022). *Modern Statistics for Modern Biology*. Self-published. <https://www.huber.embl.de/msmb/>
8. Grus, J. (2019). *Data Science from Scratch* (2nd ed.). O'Reilly Media.
9. Chacon, S., Straub, B. (2014). *Pro Git* (2nd ed.). Apress. <https://git-scm.com/book/en/v2>

id: 113754591
Стр. 8 з 9



створення та перевірки кваліфікованих електронних підписів документа

Програма фахового іспиту Біоінформатика 26.05.2025

id: 113754591 Crop. 9 3 9

