

ЗАТВЕРДЖЕНО

Голова Приймальної комісії
Приватної установи «Університет»
«Київська школа економіки»

Тимофій БРІК

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

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), відповідно до розділу V Порядку прийому на навчання для здобуття вищої освіти в 2026 році, затвердженого наказом Міністерства освіти і науки України від 26 лютого 2026 року № 373.
2. Мета іспиту	Метою фахового іспиту є визначення рівня фахової підготовки вступника(-ці), його/її дослідницького, аналітичного та професійного потенціалу, а також готовності до навчання за освітньо-науковою програмою магістерського рівня з біоінформатики та аналізу біомедичних даних.
3. Тривалість іспиту	150 хвилин
4. Формат іспиту	Фаховий іспит проводиться офлайн у форматі письмових, анонімізованих випробувань. Екзаменаційна робота складається з чотирьох обов'язкових відкритих питань англійською мовою.

II. Запитання для підготовки до фахового іспиту

Приклад запитання:

Interpretation of differential gene expression results

A research team is studying the molecular response of human epithelial cells to an experimental antiviral compound. Cells were divided into two groups: an untreated control group and a treated group exposed to the compound for 24 hours. RNA sequencing was performed on three biological replicates per group. The researchers then conducted a differential gene expression analysis to identify genes whose expression changed after treatment.

The table below presents selected results from the analysis. The column mean normalized expression represents the average expression signal after normalization. The log₂ fold change compares treated cells with control cells: positive values indicate higher expression in treated cells, while negative values indicate lower expression.

1. Based on the table, which genes would you prioritize for follow-up validation? Justify your choice.
2. Which gene or genes should be interpreted with particular caution, despite showing an apparently large or statistically significant change? Explain your reasoning.
3. Explain why log₂ fold change alone is not sufficient for selecting biologically meaningful candidate genes. In your answer, refer to at least one example from the table.
4. Write a short scientific interpretation of the results.

Gene	Mean expression in control	Mean expression in treated cells	log ₂ fold change	Adjusted p-value	Functional annotation
<i>IFIT1</i>	120	2350	4.29	0.0003	Antiviral response
<i>OAS1</i>	300	1800	2.59	0.004	Interferon-related pathway

<i>GENE-X</i>	2	40	4.32	0.18	Uncharacterized gene, very low expression
<i>ACTB</i>	8200	8400	0.03	0.74	Housekeeping gene
<i>CYP1A1</i>	50	380	2.93	0.049	Xenobiotic metabolism
<i>MKI67</i>	700	230	-1.61	0.02	Cell proliferation marker
<i>RPLP0</i>	5100	5300	0.06	0.81	Housekeeping gene
<i>MT-ND1</i>	9000	15000	0.74	0.03	Mitochondrial transcript

Перелік тем для підготовки:

1. Структура нуклеїнових кислот, ДНК, РНК, комплементарність, генетичний код
2. Центральна догма молекулярної біології, реплікація, транскрипція, трансляція, регуляція експресії генів
3. Організація геному, гени, екзони, інтрони, регуляторні ділянки, кодувальні та некодувальні послідовності
4. Генетична мінливість, алелі, генотип, фенотип, частоти варіантів у популяціях
5. Мутації та генетичні варіанти, типи мутацій, функціональні наслідки мутацій
6. Основні поняття геноміки і транскриптоміки, типи біомедичних даних та базові формати їх представлення (FASTA, FASTQ, таблиці експресії генів)
7. Експресія генів, диференційна експресія генів, нормалізація даних, кратність зміни експресії (fold change)
8. Технології секвенування, зчитування послідовностей (sequencing reads), покриття секвенування (coverage), якість зчитувань, помилки секвенування
9. Референсний геном, вирівнювання послідовностей (sequence alignment), невідповідності між послідовностями (mismatches), локальне та глобальне вирівнювання, якість вирівнювання
10. Анотація генів і генетичних варіантів, функціональна анотація, оцінювання потенційного біологічного впливу
11. Біологічні бази даних, референсні набори даних, метадані, принципи FAIR для наукових даних. Якість біоінформатичних даних, пропущені значення, дублікати
12. Дизайн біологічного дослідження, контрольна та експериментальна групи, біологічні й технічні реплікати
13. Описова статистика, середнє значення, медіана, дисперсія, стандартне відхилення
14. Статистичне тестування гіпотез, нульова та альтернативна гіпотези, р-значення (p-value), статистична значущість
15. Множинне тестування, скориговане р-значення (adjusted p-value), хибнопозитивні та хибнонегативні результати, ризики p-hacking, інтерпретація статистичної значущості
16. Кореляція, причинно-наслідковий зв'язок, змішувальні фактори (confounding factors)
17. Пакетні ефекти (batch effects), технічна варіабельність, рандомізація, контроль якості експерименту
18. Інтерпретація біоінформатичних результатів, обмеження аналізу, перевірка припущень, обґрунтування висновків
19. Етичні аспекти роботи з біомедичними даними, конфіденційність, чутливі дані, відповідальне використання результатів

III. Критерії оцінювання

Фаховий іспит складається з чотирьох обов'язкових відкритих питань англійською мовою. Кожне питання оцінюється максимально у 50 балів. Максимальна кількість балів за фаховий іспит становить 200 балів. Для визнання результату співбесіди позитивним вступник повинен набрати не менше 120 балів із 200. Незначні помилки в англійській мові не є самостійною підставою для зниження оцінки, якщо вони не перешкоджають розумінню змісту відповіді. Фінальна оцінка за іспит визначається як сума балів, отриманих за всі чотири питання.

Балів	Критерії оцінювання відповіді
45–50	Відповідь є повною, логічною, добре структурованою; вступник(ця) демонструє глибоке розуміння теми, застосовує терміни коректно, наводить аргументовані приклади або контрпозиції; обґрунтовує свої висновки.
30–44	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; можливі помилки у використанні термінології або поверхове врахування даних, обмежень чи контексту; відсутні приклади або вони нечіткі.
10–19	Відповідь є фрагментарною або неповною; вступник(ця) демонструє обмежене розуміння питання; відповідь містить суттєві неточності, слабе обґрунтування або нерелевантні елементи; логіка викладу порушена, робота з даними або умовою завдання є недостатньою.
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. 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. Lesk A.M. (2014) *Introduction to bioinformatics* (Fourth edition). — Oxford University Press — 440 p.
3. Huber, W. & Holmes, S. (2022). *Modern Statistics for Modern Biology*. Self-published.
<https://www.huber.embl.de/msmb/>