Інститут фізіології ім. О.О. Богомольця
Національної академії наук України
Силабус освітньої компоненти

«МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНІ МЕТОДИ У СУЧАСНИХ БІОМЕДИЧНИХ ДОСЛІДЖЕННЯХ»

МВК 35

Галузь знань І Охорона здоров'я та соціальне забезпечення (22 Охорона здоров'я)

Спеціальність І2(222)Медицина

Курс	1
Семестр	2

Ступінь освіти Третій (освітньо-науковий)

Освітньо-наукова програма Медицина (Патологічна фізіологія)

ECTS	3
Годин	90

Статус Навчальна дисципліна вибіркового компонента з фахового переліку

Форма навчання Денна / заочна

Семестровий контроль Диференційований залік

Розподіл годин

Аудиторні години		Самостійна робота
Лекції	Практичні/Семінари	
18	8	64

	Лекція	Практичні/семінарські
ПІБ	Хецуріані Михайло	Хецуріані Михайло
Посада	Науковий співробітник відділу загальної та молекулярної патофізіології	Науковий співробітник відділу загальної та молекулярної патофізіології
Вчене звання	-	-
Науковий ступінь	Доктор філософії	Доктор філософії
Профіль викладача	https://orcid.org/0000-0001-5852-6724	https://orcid.org/0000-0001-5852-6724
Тел.	+380 44 256 24 81	+380 44 256 24 81
e-mail	khetsuriani@biph.kiev.ua	khetsuriani@biph.kiev.ua

Розроблено доктором філософії Хецуріані М.

Гарант ОНП
д.м.н. Євген МОІСЕЄНКО

Поточна редакція від «26» серпня 2026 р.

Зав. відділу «Випускова кафедра»
д.б.н., проф. Катерина РОЗОВА

Мета та завдання освітньої компоненти

Метою викладання навчальної дисципліни «Молекулярно-генетичні методи у сучасних біомедичних дослідженнях» є формування у здобувачів вищої освіти ступеня доктора філософії теоретичних знань і практичних навичок застосування сучасних молекулярно-генетичних методів для вирішення наукових завдань у галузі біології та медицини. Дисципліна спрямована на розвиток здатності самостійно планувати молекулярно-генетичні дослідження, обґрунтовано обирати експериментальні та аналітичні підходи, використовувати сучасні лабораторні технології й біоінформатичні ресурси, критично оцінювати достовірність отриманих результатів та інтерпретувати їх у контексті фундаментальних і прикладних біомедичних досліджень.

Основними завданнями вивчення дисципліни є ознайомлення із сучасними методами дослідження нуклеїнових кислот, експресії генів та епігенетичних механізмів регуляції; формування практичних навичок виділення й аналізу ДНК та РНК, проведення зворотної транскрипції, полімеразної ланцюгової реакції та генотипування; вивчення принципів секвенування, технологій редагування геному, регуляції експресії генів і застосування методик у біомедицині; опанування підходів до пошуку та аналізу загальнодоступних молекулярно-генетичних даних; розвиток навичок оцінювання, інтерпретації та валідації результатів експериментальних досліджень.

Анотація навчальної дисципліни

Навчальна дисципліна «Молекулярно-генетичні методи у сучасних біомедичних дослідженнях» спрямована на формування у здобувачів вищої освіти ступеня доктора філософії теоретичних знань і практичних навичок застосування сучасних молекулярно-генетичних методів у біології та медицині. Курс охоплює принципи організації молекулярно-генетичного експерименту, методи дослідження нуклеїнових кислот, експресії генів та молекулярних механізмів регуляції клітинних процесів.

У межах дисципліни розглядаються функціональне різноманіття нуклеїнових кислот, методи виділення, очищення й аналізу ДНК та РНК, генотипування, полімеразна ланцюгова реакція, зворотна транскрипція, сучасні технології секвенування, принципи геноміки, транскриптоміки та епігеноміки. Окрему увагу приділено технологіям редагування геному, регуляції експресії генів, застосуванню РНК-технологій, а також використанню біоінформатичних ресурсів і загальнодоступних баз даних. Практична складова передбачає опанування методів роботи з нуклеїновими кислотами та аналізу результатів молекулярно-генетичних досліджень. Висвітлюються питання наукової етики, академічної доброчесності, лабораторної безпеки, забезпечення достовірності та відтворюваності результатів, а також застосування молекулярно-генетичних технологій у дослідженні захворювань, діагностиці та сучасній біомедицині.

Місце навчальної дисципліни в програмі навчання

Навчальна дисципліна «Молекулярно-генетичні методи у сучасних біомедичних дослідженнях» є вибірковим компонентом підготовки здобувачів вищої освіти ступеня доктора філософії першого року навчання. Дисципліна спрямована на поглиблення та систематизацію знань щодо сучасних методів молекулярно-генетичних досліджень, принципів їх застосування у фундаментальній і прикладній біомедицині.

Необхідні навички

Для успішного опанування навчальної дисципліни «Молекулярно-генетичні методи у сучасних біомедичних дослідженнях» аспіранти повинні володіти базовими знаннями з молекулярної біології, генетики, біохімії та клітинної біології, а також загальними навичками науково-дослідної роботи.

Рівень набуття знань

Після завершення курсу здобувач здатний:

- пояснювати молекулярні механізми збереження, реалізації та регуляції генетичної інформації, характеризувати різноманіття нуклеїнових кислот та їхню роль у біологічних процесах;
- обґрунтовано обирати молекулярно-генетичні методи відповідно до мети дослідження, планувати експерименти та оцінювати обмеження застосовуваних методик;
- застосовувати практичні навички виділення, очищення та оцінювання якості ДНК і РНК, проведення генотипування, зворотної транскрипції та полімеразної ланцюгової реакції;
- характеризувати принципи сучасних технологій секвенування, епігенетичних досліджень, редагування геному та регуляції експресії генів, визначати можливості їх застосування у біомедичних дослідженнях;
- використовувати спеціалізовані біоінформатичні ресурси та загальнодоступні бази молекулярно-генетичних даних для пошуку, опрацювання та аналізу наукової інформації;
- аналізувати, інтерпретувати та критично оцінювати результати молекулярно-генетичних досліджень, визначати їхню достовірність, біологічне значення та необхідність експериментальної валідації;
- дотримуватися принципів наукової етики, академічної доброчесності та лабораторної безпеки, запобігати контамінації біологічних зразків і забезпечувати відтворюваність результатів досліджень.

Загальні компетентності (ЗК)

ЗК3. Здатність застосовувати сучасні цифрові інструменти і технології, створювати цифровий контент у власній професійній діяльності.

ЗК4. Здатність проводити наукові дослідження на професійному рівні, здійснювати управління науковими проєктами та приймати автономні рішення, дотримуватись норм безпеки, діяти творчо, ініціативно та наполегливо при вирішенні дослідницьких і клінічно-орієнтованих проблем.

ЗК5. Здатність дотримуватися етичних принципів, норм академічної доброчесності та біоетики у професійній діяльності, застосовувати адекватні методи ефективної взаємодії з представниками різних груп (професійних, соціальних, культурних).

ЗК6. Здатність застосовувати у професійній діяльності сучасні знання з різних наук, у тому числі міждисциплінарного характеру.

ЗК7. Здатність критично мислити, оцінювати достовірність, відтворюваність та якість виконуваних досліджень і публікацій.

Спеціальні(фахові) компетентності (СК):

СК1. Здатність планувати і здійснювати комплексні оригінальні біомедичні дослідження в галузі патологічної фізіології, створювати і інтерпретувати нові знання щодо етіології, патогенезу та системних механізмів розвитку патологічних процесів.

Здатність самостійно формулювати наукову проблему, висувати інноваційні гіпотези щодо механізмів ушкодження, компенсації та адаптації організму, розробляти дизайн дослідження на адекватних моделях патологічних станів, отримувати результати із суттєвою науковою новизною, підтверджені публікаціями у провідних міжнародних виданнях (Scopus/WoS).

СК2. Демонструвати детальне розуміння предметної бази патологічної фізіології, компетентність у використанні наукового обладнання та прецизійних методів експериментальної патофізіології.

Здатність до системного аналізу регуляторних механізмів, обґрунтування етологічних, генетичних та середовищних чинників патогенезу, володіння концептуальними знаннями про регуляцію серцево-судинної, дихальної, ендокринної та імунної систем, молекулярних та системних основ хвороби. Здатність професійно застосовувати методи електрофізіології, оптичної реєстрації та молекулярно-біологічного аналізу, а також алгоритми машинного навчання (AI) для вивчення патогенетичних механізмів на рівні клітин, тканин та органів.

СК3. Компетентність аналізувати дані експериментальних і клінічних досліджень біофізичних, молекулярно-фізіологічних механізмів розвитку патологічних процесів.

Глибоке розуміння фізико-хімічних основ порушень структури та функції біомембран, дизрегуляції іонних каналів та рецепторів, а також механізмів клітинної сигналізації в нормі та при моделюванні патологічних станів. Вміння застосовувати середовище R/RStudio або Python для статистичного аналізу, візуалізації та математичного моделювання.

СК5. Здатність виявляти, формулювати та вирішувати проблеми дослідницького характеру в галузі патологічної фізіології та експериментальної медицини, оцінювати та забезпечувати якість досліджень.

Програмні результати навчання (ПРН)

ПРН1. Концептуальні та методологічні знання поглибленого рівня в галузі патологічної фізіології та суміжних медико-біологічних дисциплін для застосування у власних дослідженнях і викладацькій практиці.

ПРН3. Здатність вибирати, застосовувати та оптимізувати експериментальні моделі та методи дослідження патологічних процесів на різних рівнях біологічної організації, критично оцінювати їх валідність, ефективність та обмеження.

ПРН4. Універсальні навички дослідника, зокрема усної та письмової презентації результатів власного наукового дослідження, чіткого й деталізованого викладу наукових результатів, застосування сучасних інформаційних технологій у науковій діяльності, пошуку інформації в спеціалізований літературі з використанням фахових журналів, баз даних і клінічних реєстрів.

ПРН7. Відповідні знання, розуміння та здатність до використання методів біостатистики й аналізу експериментальних та клінічних даних на сучасному публікаційному рівні.

ПРН8. Ініціювання, планування, реалізація послідовного процесу наукового дослідження, що дає змогу переосмислити наявні уявлення про патогенез та створити нове цілісне знання і/або професійну практику, розв'язувати важливі теоретичні і практичні проблеми патологічної фізіології з дотриманням норм академічної етики, доброчесності і врахуванням соціальних, економічних, екологічних аспектів.

ПРН9. Здатність до аналізу і синтезу систем, об'єктів і процесів у нормальному та патологічно зміненому організмі за допомогою комп'ютерних моделей і інформаційних технологій.

СТРУКТУРА ТА ЗМІСТ ОСВІТНЬОЇ КОМПОНЕНТИ (ДИСЦИПЛІНИ)

№	Тема	Кількість годин					
		Очне відділення			Заочне відділення		
		Л	Пр/С	СР	Л	Пр/С	СР
Змістовій модуль 1. Молекулярно-генетичні методи у сучасних біомедичних дослідженнях							
1	Вступ до курсу, академічна доброчесність. Забезпечення безпеки та достовірності молекулярно-генетичних досліджень. Опис основних методів та технік молекулярної біології.	2	0	6	2	0	6
2	Нуклеїнові кислоти як об'єкти молекулярно-генетичних досліджень: різноманіття, функції та методи аналізу. Методи ізоляції та чистки ДНК та РНК.	2	2	10	2	2	10
3	Генотипування та пошук однонуклеотидних поліморфізмів.	0	2	6	0	2	6
4	Секвенування ДНК. Опис принципів та технології секвенування ДНК. Порівняння різних методів секвенування та їх застосування у дослідженнях.	2	0	6	2	0	6
5	Біоінформатичні ресурси та загальнодоступні бази молекулярно-генетичних даних.	2	2	6	2	2	6
Змістовий модуль 2. Молекулярно-генетичні методи у сучасних біомедичних дослідженнях							
6	Оцінка експресії генів. Зворотна транскрипція, отримання комплементарної ДНК та кількісна ПЛР у реальному часі: проведення реакцій і аналіз результатів	2	2	6	2	4	6
7	Епігенетика та епігеноміка. Опис принципів та технології епігенетики та епігеноміки.	2	0	6	2	2	6
8	Сучасні підходи до керування генетичною інформацією: модифікація геному, регуляція експресії генів та застосування РНК-технологій.	2	0	6	2	0	6
9	Аналіз, інтерпретація та валідація результатів молекулярно-генетичних досліджень	2	0	6	2	0	6

10	Застосування молекулярно-біологічних методів у медицині. Опис принципів та технології застосування молекулярно-біологічних методів у діагностиці та лікуванні. Приклади застосування молекулярно-біологічних методів у дослідженні хвороб.	2	0	6	2	0	6
Всього годин:		**18**	**8**	**64**	**20**	**6**	**64**

Л – Лекції
Пр/С – Практичні / Семінари
СР – Самостійна робота

Теми семінарських/практичних занять

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
1	Методи ізоляції та чистки ДНК та РНК	2
2	Генотипування та пошук однонуклеотидних поліморфізмів.	2
3	Зворотна транскрипція та кількісна ПЛР у реальному часі	2
4	Біоінформатичні ресурси та бази молекулярно-генетичних даних.	2

Самостійна робота

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
1	Вступ до курсу. Наукова етика, академічна доброчесність, безпека та достовірність молекулярно-генетичних досліджень. *Опрацювання наукової літератури й методичних матеріалів щодо академічної доброчесності, лабораторної безпеки, запобігання контамінації та забезпечення відтворюваності результатів.*	6
2	Нуклеїнові кислоти як об'єкти молекулярно-генетичних досліджень. Методи виділення, очищення й аналізу ДНК та РНК. *Читання наукової літератури та перегляд тематичних відеоматеріалів. Порівняння методів виділення й очищення нуклеїнових кислот, показників їхньої концентрації, чистоти та цілісності.*	10
3	Генотипування та виявлення однонуклеотидних поліморфізмів. *Самостійне вивчення принципів алель-специфічної ПЛР і ПЛР із рестрикційним аналізом; опрацювання прикладів визначення та інтерпретації генотипів.*	6

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
4	Секвенування ДНК: принципи, технології та застосування в наукових дослідженнях. *Опрацювання наукових джерел і відеоматеріалів. Порівняння секвенування за Сенгером, технологій коротких і довгих прочитань, їхніх можливостей та обмежень.*	6
5	Біоінформатичні ресурси та загальнодоступні бази молекулярно-генетичних даних. *Ознайомлення з ресурсами NCBI, Ensembl, GEO та SRA. Пошук генів, наукових даних і наборів експериментів відповідно до власної тематики дослідження.*	6
6	Оцінювання експресії генів: зворотна транскрипція, отримання комплементарної ДНК та кількісна ПЛР у реальному часі. *Опрацювання принципів RT-qPCR, критеріїв вибору референсних генів і контролів; самостійний розбір прикладів нормалізації та розрахунку відносної експресії генів.*	6
7	Епігенетика та епігеноміка: механізми регуляції та методи дослідження. *Читання наукових публікацій про метилювання ДНК, модифікації гістонів та організацію хроматину. Порівняння принципів бісульфітного секвенування, ChIP-seq і ATAC-seq.*	6
8	Сучасні підходи до керування генетичною інформацією: модифікація геному, регуляція експресії генів та застосування РНК-технологій. *Опрацювання технологій CRISPR/Cas, РНК-інтерференції, плазмідних і вірусних векторів та мРНК-платформ; аналіз їхніх дослідницьких і терапевтичних застосувань.*	6
9	Аналіз, інтерпретація та валідація результатів молекулярно-генетичних досліджень. *Аналіз прикладів наукових результатів з урахуванням контролів, повторів і статистичної значущості. Ознайомлення з підходами до незалежної та функціональної валідації.*	6
10	Застосування молекулярно-біологічних методів у медицині: діагностика, лікування та дослідження захворювань. *Читання наукових і клініко-орієнтованих публікацій. Підбір та короткий аналіз прикладів використання молекулярно-генетичних технологій у діагностиці й терапії захворювань.*	6
Усього годин:		**64**

ПИТАННЯ ДЛЯ ПОТОЧНОГО І ПІДСУМКОВОГО КОНТРОЛЮ

1. Принципи наукової етики та академічної доброчесності у біомедичних дослідженнях. Основні види порушень академічної доброчесності.
2. Правила біологічної та хімічної безпеки під час проведення молекулярно-генетичних досліджень. Організація роботи в лабораторії.
3. Контамінація біологічних зразків: основні джерела, наслідки та методи запобігання. Особливості роботи з ДНК та РНК.
4. Принципи забезпечення достовірності та відтворюваності молекулярно-генетичних досліджень. Біологічні й технічні повтори, контрольні групи.
5. Структура, властивості та біологічні функції ДНК. Організація генетичного матеріалу еукаріотичних клітин.
6. Основні класи РНК та їхні біологічні функції. Кодуючі та некодуючі РНК, їхня роль у регуляції експресії генів.
7. МікроРНК, довгі некодуючі РНК та циркулярні РНК: структурні особливості, функції та значення у біомедичних дослідженнях.
8. Методи виділення та очищення геномної ДНК із біологічних зразків. Принципи, основні етапи та особливості застосування.
9. Методи виділення та очищення РНК. Запобігання деградації РНК та забезпечення якості отриманих препаратів.
10. Методи кількісного та якісного аналізу нуклеїнових кислот. Спектрофотометрія та гель-електрофорез: принципи й інтерпретація результатів.
11. Однонуклеотидні поліморфізми (SNP): поняття, класифікація та біологічне значення.
12. Основні методи генотипування. Полімеразна ланцюгова реакція, алель-специфічна ПЛР та аналіз поліморфізму довжин рестрикційних фрагментів.
13. Практичне застосування генотипування у фундаментальних і клінічних дослідженнях. Інтерпретація результатів визначення генотипів.
14. Секвенування ДНК за методом Сэнгера: принцип, основні етапи та сфери застосування.
15. Секвенування нового покоління (NGS): принципи технології, основні етапи та можливості застосування.
16. Порівняльна характеристика технологій секвенування коротких і довгих прочитань. Переваги, обмеження та критерії вибору методу.
17. Застосування технологій секвенування у геноміці та транскриптоміці. Секвенування РНК (RNA-seq) та його можливості для дослідження експресії генів.
18. Основні біоінформатичні ресурси для молекулярно-генетичних досліджень. Бази даних NCBI, Ensembl та інші спеціалізовані ресурси.
19. Загальнодоступні бази даних геномних і транскриптомних досліджень.
20. Принципи пошуку, відбору та використання загальнодоступних молекулярно-генетичних даних. Оцінювання відповідності наборів даних дослідницькому завданню.
21. Експресія генів та основні методи її дослідження. Порівняння підходів до якісного й кількісного аналізу експресії.
22. Зворотна транскрипція: принцип реакції, ферменти, основні компоненти та отримання комплементарної ДНК.
23. Полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР): принцип, основні етапи, компоненти реакційної суміші та фактори, що впливають на ефективність ампліфікації.
24. Кількісна ПЛР у реальному часі (qPCR): принципи флуоресцентної детекції, основні підходи та особливості аналізу результатів.
25. Кількісне оцінювання експресії генів методом RT-qPCR. Референсні гени, нормалізація результатів, методи ΔCt та ΔΔCt.

26. Епігенетика та епігеноміка: основні поняття, механізми та роль в регуляції експресії генів.
27. Метилювання ДНК та модифікації гістонів. Їхнє значення для регуляції активності генів і функціонування клітин.
28. Методи дослідження метилювання ДНК. Принципи та можливості застосування бісульфітного секвенування.
29. Сучасні методи дослідження хроматину та епігенетичної регуляції: ChIP-seq, ATAC-seq, їхні принципи та сфери застосування.
30. Основні підходи до функціонального дослідження генів. Нокаут, нокдаун та надекспресія: принципи, відмінності та застосування.
31. РНК-інтерференція як механізм регуляції експресії генів. Використання малих інтерферуючих РНК (siRNA), коротких шпилькових РНК (shRNA) та антисмислових олігонуклеотидів.
32. Плазмідні конструкції та вірусні вектори: принципи побудови, способи доставки генетичного матеріалу та застосування у біомедичних дослідженнях.
33. Технології редагування геному CRISPR/Cas: принципи дії, основні різновиди, можливості та обмеження.
34. Сучасні РНК-технології у біомедицині. Терапевтичне застосування малих інтерферуючих РНК, матричних РНК та мРНК-вакцин.
35. Контроль якості та оцінювання достовірності результатів молекулярно-генетичних досліджень. Основні джерела експериментальних похибок.
36. Статистична та біологічна інтерпретація результатів молекулярно-генетичних досліджень. Статистична значущість, кратність змін експресії генів та корекція на множинні порівняння.
37. Валідація результатів молекулярно-генетичних досліджень. Підтвердження результатів секвенування методом RT-qPCR, дослідження на рівні білків та функціональна валідація.
38. Застосування молекулярно-генетичних методів у діагностиці захворювань. Виявлення генетичних змін, молекулярних маркерів і патогенів.
39. Роль молекулярно-генетичних технологій у дослідженні механізмів розвитку захворювань та пошуку нових терапевтичних мішеней.
40. Перспективи застосування молекулярно-генетичних технологій у персоналізованій медицині, генній терапії та розробленні сучасних методів лікування.

СИСТЕМА ОЦІНЮВАННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ НАВЧАННЯ

Заохочуючі бали можуть застосовуватись при експрес-опитуванні в процесі лекції (на розуміння її суті). Усне опитування на семінарських/практичних заняттях дає 1 бал, до 10 балів за курс. Виконання письмових завдань (по 6 балів). Поточний контроль максимально 60 балів, підсумковий тест (диф.залік) – максимально 40 балів. Сумарна оцінка за курс формується, виходячи з максимальної кількості балів - 100. Отримана в такий спосіб оцінка є підсумковою заліковою.

Поточний контроль

№	Контрольний захід	Бали
1	Активність на лекційних заняттях (відповіді на запитання, участь в обговоренні тощо)	1 бал, максимально 10
2	Вирішення завдань	5 балів, максимально 60
3	Доповіді на заняттях	2 бали, максимально 4
	Разом	**60**

Шкала оцінювання: національна та ЄКТС

Оцінка за шкалою закладу вищої освіти / Institutional Grad		Мін. Бал / Min. marks	Макс. Бал / Max. marks	Оцінка ЄКТС / ECTS grade
Екзамен / Exam	**Диф.Залік / Test**			
Відмінно /Excellent	Зараховано / Passed	90	100	A
Добре / Good	Зараховано / Passed	82	89	B
		74	81	C
Задовільно / Satisfactory	Зараховано / Passed	64	73	D
		60	63	E
Незадовільно / Fail	Не зараховано / Fail	35	59	Fx
		1	34	F
Оцінки "Відмінно" "Добре" "Задовільно" виставляються за результатами складання екзаменів. Оцінка "Зараховано" виставляється за підсумками заліків				

Засвоєння аспірантом програмного матеріалу змістового модуля вважається успішним, якщо рейтингова оцінка його становить не менше, ніж 60 балів за 100-бальною шкалою.

Додаткові умови допуску до заліку:
У разі виникнення спірних питань щодо не допуску аспірантів до дифзаліку, вони вирішуються лектором дисципліни спільно із завідувачем кафедри.

ПОЛІТИКА ТА КОНТРОЛЬ

Відвідування занять є обов'язковим для всіх аспірантів. Відвідування лекцій (та відсутність на них) не оцінюється.

Виконання практичних, лабораторних робіт та індивідуальних завдань є обов'язковим.

Матеріал занять, які були з тих чи інших причин пропущені, необхідно опановувати самостійно.

У системі оцінювання значною є питома вага балів за активність здобувача на заняттях. Сума заохочувальних балів не може перевищувати 10% від суми балів, що отримуються протягом семестру (разом не більше 10 балів).

Індивідуальні завдання: задачі перевіряються асинхронно через систему Гугл Клас, міні-доповіді заслуховуються під час лабораторних занять, виділяється час на питання та обговорення, відповіді впливають на сумарну оцінку доповіді.

Терміни виконання модульних контрольних робіт оголошуються перед їх початком, робота, не представлена вчасно, не зараховується. Результати виконання контрольної роботи доповідаються здобувачом під час заняття. Результат модульної контрольної роботи для здобувача, який не з'явився на контрольний захід, є нульовим.

Пропущені контрольні заходи можна перескласти у визначений викладачем час з дозволу завідувача кафедри. Аспіранти, які в поточному семестрі мали пропуски занять і до початку екзаменаційної сесії не засвоїли матеріал пропущених тем і розділів змістових модулів навчальної дисципліни та не подали обґрунтоване письмове пояснення причин пропущених занять, до семестрової атестації з відповідної дисципліни не допускаються.

Академічна доброчесність. Норми етичної поведінки

Усі роботи мають бути самостійними, з належними посиланнями на використані джерела. Плагіат, фабрикація або фальсифікація даних, повторне подання однієї роботи, використання чужих матеріалів без вказівки авторства, а також неправомірне використання штучного інтелекту заборонені. У разі виявлення порушень робота не оцінюється (0 балів) із правом повторного виконання за рішенням викладача. Політика та принципи академічної доброчесності визначені Законами України, положенням Інституту Про академічну доброчесність
https://biph.kiev.ua/images/7/70/Положення_Про_академічну_доброчесність_1777965318.pdf

Очікується дотримання етичної поведінки під час занять: повага до колег, доброзичливе обговорення, коректне використання візуальних і текстових матеріалів. Норми етичної поведінки аспірантів і працівників визначені Статутом, відповідними законами, підзаконними актами України та відповідними положеннями Інституту
https://biph.kiev.ua/images/5/5e/ПОЛОЖЕННЯ_про_комісію_НЕтик.pdf,
https://biph.kiev.ua/images/0/06/Polozhennya_pro_osvitnyu_diyalnist_BIPH-pd-2026.pdf

Політика використання ШІ-інструментів

Дозволяється використання інструментів штучного інтелекту (ШІ) як допоміжний інструмент, але не як заміну власній аналітичній та методичній роботі, зокрема для допомоги в написанні коду для аналізу, візуалізації даних тощо, попередньому редагуванні тексту, структуруванні, візуалізації або генерації ідей за умови перевірки фактичного матеріалу, критичного осмислення отриманого контенту та подання власної інтерпретації.

Загальні правила та норми етичного використання штучного інтелекту в освітньому процесі передбачають наступне:

– маркування згенерованого контенту
– використання ШІ не повинно порушувати принципи чесності, самостійності виконання завдань та коректного цитування джерел
– конфіденційна інформація про здобувачів освіти, працівників або фінансові операції не повинна завантажуватися в ШІ-системи
– будь-який контент, згенерований штучним інтелектом, має проходити перевірку людиною перед його використанням. ШІ не може бути автором наукової роботи, його використання має бути додатковим інструментом для аналізу даних або генерації ідей
– забороняється застосування ШІ для маніпуляції інформацією, фальсифікації наукових даних
– використання лише перевірених інструментів ШІ, які відповідають етичним стандартам та пройшли оцінку на відповідність. Заборонено використання програмного забезпечення та комунікаційного (мережевого) обладнання, включених до відкритого переліку забороненого до використання програмного забезпечення, який формує і веде Адміністрація Держспецзв'язку відповідно до Порядку, затвердженого постановою Кабінету Міністрів України від 22.10.2025 No 1335, на підставі рішень про застосування санкцій. Не допускається використання ШІ-сервісів та іншого програмного забезпечення, розробленого державою-агресором, підсанкційними особами, а також сервісів, які не забезпечують належного рівня захисту даних або мають непрозорі умови їх обробки (Yandex Cloud, Yandex Cloud AI Hybrid, Yandex SpeechKit Box тощо).

У кожному виконаному завданні, доповіді чи презентації обов'язково зазначається, якщо були, то які саме були використані ШІ-інструменти та з якою метою. Рекомендовано використати генератор декларації **GAIDeT** для розкриття делегування завдань інструментам генеративного ШІ. https://panbibliotekar.github.io/gaidet-declaration/index-uk.html

Процедура оскарження результатів контрольних заходів

Аспіранти мають можливість підняти будь-яке питання, яке стосується процедури контрольних заходів та очікувати, що воно буде розглянуто згідно із наперед визначеними процедурами, та відповідно до положення про порядок розгляду апеляцій https://biph.kiev.ua/images/9/9f/Положення_про_порядок_подання_та_розгляду_апеляцій_здобувачів.pdf

РЕКОМЕНДОВАНА ЛІТЕРАТУРА ТА ІНФОРМАЦІЙНІ РЕСУРСИ

Базові:

1. Alberts B., Heald R., Johnson A., Morgan D., Raff M., Roberts K., Walter P. **Molecular Biology of the Cell.** 7th ed. W. W. Norton & Company, 2022. 1552 p.
2. Lodish H., Berk A., Kaiser C. A., et al. **Molecular Cell Biology.** 9th ed. Macmillan Learning, 2021. 1264 p.
3. Brown T. A. **Gene Cloning and DNA Analysis: An Introduction.** 8th ed. Wiley-Blackwell, 2020. 432 p.
4. Green M. R., Sambrook J. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual.** 4th ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2012. 3 vols.
5. Hofmann A., Clokie S. (eds.). **Wilson and Walker's Principles and Techniques of Biochemistry and Molecular Biology.** 8th ed. Cambridge University Press, 2018. 956 p.
6. Allis C. D., Jenuwein T., Reinberg D., Caparros M.-L. (eds.). **Epigenetics.** 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2015.

Додаткові:

1. Pevsner J. **Bioinformatics and Functional Genomics.** 3rd ed. Wiley-Blackwell, 2015. 1168 p.
2. Bustin S. A., Ruijter J. M., van den Hoff M. J. B., et al. MIQE 2.0: Revision of the Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments Guidelines. **Clinical Chemistry.** 2025. Vol. 71, No. 6. P. 634–651. DOI: 10.1093/clinchem/hvaf043.
3. Conesa A., Madrigal P., Tarazona S., et al. A survey of best practices for RNA-seq data analysis. **Genome Biology.** 2016. Vol. 17. Article 13. DOI: 10.1186/s13059-016-0881-8.

Інтернет-ресурси, електронні бібліотеки:

1. **National Center for Biotechnology Information (NCBI)** — бази нуклеотидних і білкових послідовностей, генетична інформація та інструменти молекулярно-генетичного аналізу. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/
2. **Gene Expression Omnibus (GEO)** — загальнодоступна база даних експресії генів та функціональної геноміки. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/
3. **Sequence Read Archive (SRA)** — архів первинних даних високопродуктивного секвенування ДНК та РНК. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/
4. **Ensembl Genome Browser** — геномні послідовності, анотації генів і транскриптів, інформація про генетичні поліморфізми. https://www.ensembl.org/
5. **UCSC Genome Browser** — інструменти візуалізації та аналізу геномних даних. https://genome.ucsc.edu/
6. **NCBI Primer-BLAST** — проєктування праймерів для ПЛР та перевірка їхньої специфічності. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/
7. **Addgene Educational Resources and Protocols** — навчальні матеріали та лабораторні протоколи з молекулярної біології, плазмідних технологій і CRISPR/Cas. https://www.addgene.org/educational-resources/
8. **EMBL-EBI Training** — навчальні ресурси з біоінформатики, геноміки, транскриптоміки та аналізу біологічних даних. https://www.ebi.ac.uk/training/