

ОБЩЕСТВО С ОГРАНИЧЕННОЙ ОТВЕТСТВЕННОСТЬЮ «БИСТАДИ»
(ООО БИСТАДИ)

Утверждаю
Директор ООО «БИСТАДИ»
№ БИ 7-Л от 06.07.2026



Б.А. Сафонов

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ОБЩЕРАЗВИВАЮЩАЯ ПРОГРАММА
"ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ"

Форма обучения: с применением исключительно
электронного обучения, дистанционных образовательных технологий

Трудоемкость: 42 часа
Срок обучения: 7 недель

г. Москва, 2025 г.

СОДЕРЖАНИЕ

РАЗДЕЛ 1. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ОБЩЕРАЗВИВАЮЩЕЙ ПРОГРАММЫ.....	3
1.1. Нормативно-правовые основания разработки программы	Ошибка! Закладка не определена.
1.2. Цель и планируемые результаты обучения.....	3
1.3. Категория слушателей	3
1.4. Форма обучения.....	4
1.5. Трудоемкость программы.....	4
1.6. Особенности организации образовательной деятельности по программе	4
1.7. Содержание разделов.....	4
РАЗДЕЛ 2. СОДЕРЖАНИЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	5
2.1. Учебный план	5
2.2. Календарный учебный график	6
2.3. Рабочие программа.....	7
РАЗДЕЛ 3. КОНТРОЛЬ И ОЦЕНКА РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ПРОГРАММЕ	7
3.1. Формы аттестации	7
3.2. Контрольно-оценочные средства для текущего и итогового контроля	7
РАЗДЕЛ 4. ОРГАНИЗАЦИОННО-ПЕДАГОГИЧЕСКИЕ УСЛОВИЯ РЕАЛИЗАЦИИ ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ПРОФЕССИОНАЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ	9
4.1. Требования к материально-техническому обеспечению.....	9
4.2. Информационно-методическое обеспечение обучения.....	10
4.3. Кадровое обеспечение реализации программы.....	11

РАЗДЕЛ 1. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ДОПОЛНИТЕЛЬНОЙ ОБЩЕРАЗВИВАЮЩЕЙ ПРОГРАММЫ

1.1. Нормативно-правовые основания разработки программы

Разработка программы осуществлена в соответствии с действующими нормативными правовыми актами Российской Федерации, регулирующими реализацию дополнительных образовательных программ:

1. Федеральный закон от 29 декабря 2012 г. № 273-ФЗ «Об образовании в Российской Федерации» (в действующей редакции);
2. Постановление Правительства Российской Федерации от 18 сентября 2020 г. № 1490 «О лицензировании образовательной деятельности»;
3. Приказ Минпросвещения РФ от 27.07.2022 N 629 «Об утверждении порядка организации и осуществления образовательной деятельности по дополнительным общеобразовательным программам»;
4. Устав ООО «БИСТАДИ».

1.2. Цель и планируемые результаты обучения

Цель: Сформировать у обучающихся систематические знания и практические умения в области биоинформатики, позволяющие понимать и применять современные методы анализа биологических последовательностей.

Планируемые результаты обучения:

Будут знать: основные понятия молекулярной биологии и геномики; принципы работы ключевых биоинформатических алгоритмов и баз данных (NCBI, UniProt, PDB); основы программирования на Python/R для анализа биологических данных.

Будут уметь: искать информацию в биоинформационных базах данных; проводить выравнивание биологических последовательностей; выполнять базовый статистический анализ данных; визуализировать результаты исследований.

Будут владеть: навыками работы с основными биоинформатическими инструментами и программным обеспечением; методами функциональной аннотации генов и белков.

1.3. Категория слушателей

Студенты биологических, медицинских, фармацевтических специальностей, специалисты в области здравоохранения, программисты, интересующиеся биоинформатикой, а также лица с высшим образованием, желающие познакомиться с областью.

Требования к поступающим: базовые знания в области биологии (школьный курс), уверенное владение компьютером и интернетом.

1.4. Форма обучения

Заочная, с применением исключительно электронного обучения и дистанционных образовательных технологий (ЭО и ДОТ). Освоение программы происходит полностью удаленно на образовательной платформе.

1.5. Трудоемкость программы

Общий объем программы: 42 академических часа.

Продолжительность: 7 недель.

Режим занятий: 3 раза в неделю по 2 академических часа.

1.6. Особенности организации образовательной деятельности по программе

Академический час составляет 45 минут. Объем учебной нагрузки в учебный день не превышает 8 часов. Образовательный процесс осуществляется с использованием электронной информационно-образовательной среды bestudy.ru.

1.7. Содержание разделов

№ п/п	Наименование раздела	Всего часов	Цель и краткое содержание	Формы контроля
1	Модуль 1. Введение. Руководство для прохождения обучения			
2	Модуль 2. Введение в биоинформатику	3,5	Знакомство с историей, задачами и областью применения биоинформатики. Настройка программного окружения для практической работы.	Тестирование, ДЗ
3	Модуль 3. Основы молекулярной биологии	9,5	Изучение основ строения и функций ДНК, РНК, белков. Освоение навыков поиска информации и последовательностей в основных биоинформационных базах данных (NCBI, UniProt).	Тестирование, ДЗ
4	Модуль 4. Алгоритмы биоинформатики	9,5	Освоение алгоритмов выравнивания последовательностей (BLAST), поиска гомологов, функциональной аннотации генов и белков с использованием баз данных KEGG, GeneOntology.	Тестирование, ДЗ
5	Модуль 5. Программирование и математика в биоинформатике	13,5	Введение в программирование на R для биоинформатики. Основы статистического анализа и визуализации биологических данных (микрочипы, микробиом).	Тестирование, ДЗ

6	Модуль 6. Итоговая аттестация	6	Выполнение сквозного практического проекта по анализу генетической последовательности: от поиска в базах данных до функциональной аннотации и презентации результатов.	Итоговый проект
---	-------------------------------	---	--	-----------------

РАЗДЕЛ 2. СОДЕРЖАНИЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ ПРОГРАММЫ

2.1. Учебно-тематический план

№ п/п	Название раздела, темы	Всего часов	Теоретических (видеолекция + материалы)	Практических (семинар, тест, ДЗ)	Формы аттестации
2	МОДУЛЬ 2. ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ	3,5	2	1,5	Тест, ДЗ
2.1.	История и задачи биоинформатики	1,5	1	0,5	Тест
2.2	Семинар: Введение в биоинформатику и настройка окружения	2	1	1	ДЗ
3	МОДУЛЬ 3. ОСНОВЫ МОЛЕКУЛЯРНОЙ БИОЛОГИИ	9,5	6	3,5	Тест, ДЗ
3.1.	Основы молекулярной биологии: ДНК	1,5	1	0,5	Тест
3.2	Семинар: Основные биоинформатические базы данных	2	1	1	ДЗ
3.3.	РНК: строение, типы и роль в реализации генетической информации	1,5	1	0,5	Тест
3.4	Семинар: Работа с РНК	2	1	1	ДЗ
3.5.	Белки: структура и функции	1,5	1	0,5	Тест
3.6	Семинар: От гена к белку	2	1	1	ДЗ
4	МОДУЛЬ 4. АЛГОРИТМЫ БИОИНФОРМАТИКИ	9,5	6	3,5	Тест, ДЗ
4.1	Сравнение последовательностей: от парного выравнивания до множественного	1,5	1	0,5	Тест
4.2	Семинар: Сравнение последовательностей: от парного выравнивания до множественного	2	1	1	ДЗ
4.3	Алгоритмы поиска в биоинформатике	1,5	1	0,5	Тест

4.4	Семинар: Поиск гомологов и доменов	2	1	1	ДЗ
4.5	Анализ данных микрочипов	1,5	1	0,5	Тест
4.6	Семинар: Функциональные базы данных	2	1	1	ДЗ
5	МОДУЛЬ 5. ПРОГРАММИРОВАНИЕ И МАТЕМАТИКА	13,5	8	5,5	Тест, ДЗ
5.1	Микрочипы в биоинформатике	1,5	1	0,5	Тест
5.2	Семинар: Анализ генетических данных (SNP)	2	1	1	ДЗ
5.3	Введение в программирование для биоинформатики	1,5	1	0,5	Тест
5.4	Семинар: Введение в R и типы данных	2	1	1	ДЗ
5.5	Статистические тесты и анализ в биоинформатике	1,5	1	0,5	Тест
5.6	Семинар: Статистический анализ микробиома на R	2	1	1	ДЗ
5.7	Визуализация данных	1,5	1	0,5	Тест
5.8	Семинар: Визуализация данных в R	2	1	1	ДЗ
6	МОДУЛЬ 6. ИТОГОВАЯ АТТЕСТАЦИЯ	6	1	5	Итоговый проект
6.1	Инструктаж по проекту	1	1	-	-
6.2	Сквозной проект "Анализ генетической последовательности"	5	-	5	Защита проекта
	Всего	42	23	19	

2.2. Календарный учебный график

Неделя	Форма занятия	Контактная работа (ч.)	Самостоятельная работа (ч.)	Раздел	Форма контроля
1	Самостоятельная	2	1,5	Модуль 2. Введение в биоинформатику	Тест, ДЗ
2	Самостоятельная	6	3,5	Модуль 3. Основы молекулярной биологии	Тест, ДЗ
3,4	Самостоятельная	6	3,5	Модуль 4. Алгоритмы биоинформатики	Тест, ДЗ
5,6	Самостоятельная	8	5,5	Модуль 5.	Тест, ДЗ

				Программирование и математика	
7	Самостоятельная	1	5	Модуль 6. Итоговая аттестация	Итоговый проект

2.3. Рабочая программа

Модуль 2. Видеолекция по истории и задачам биоинформатики. Практический семинар по настройке ПО и работе в командной строке. (2 а.ч.)

Самостоятельная работа: тест, домашнее задание по освоению базовых команд. (1,5 а.ч.)

Модуль 3. Цикл видеолекций по основам молекулярной биологии (ДНК, РНК, белки). Серия практических семинаров по работе с базами данных NCBI, UniProt, PDB. (6 а.ч.)

Самостоятельная работа: тесты, задания по поиску и извлечению биологических данных. (3,5 а.ч.)

Модуль 4. Видеолекции по алгоритмам выравнивания, поиска и аннотации. Практические семинары с использованием инструментов BLAST, HMMER, KEGG, GeneOntology. (6 а.ч.)

Самостоятельная работа: тесты, задания по анализу конкретных последовательностей. (3,5 а.ч.)

Модуль 5. Видеолекции по основам программирования на R, статистике и визуализации. Практические семинары по анализу данных микрочипов и микробиома в R. (8 а.ч.)

Самостоятельная работа: тесты, скрипты для анализа и визуализации данных. (5,5 а.ч.)

Модуль 6. Консультация по выполнению итогового проекта. (1 а.ч.)

Самостоятельная работа над сквозным проектом: анализ заданной генетической последовательности, оформление отчета и презентации. (5 а.ч.)

РАЗДЕЛ 3. КОНТРОЛЬ И ОЦЕНКА РЕЗУЛЬТАТОВ ОБУЧЕНИЯ ПО ПРОГРАММЕ

3.1. Формы аттестации

Текущий контроль: Тестирование после каждой лекционной темы (проходной балл – 75%), проверка домашних заданий.

Итоговая аттестация: Защита сквозного практического проекта. Оценка «зачтено» / «не зачтено». Для получения сертификата необходимо успешно пройти все тесты и получить «зачтено» по итоговому проекту.

3.2. Контрольно-оценочные средства промежуточного и итогового контроля

Типовые тестовые вопросы:

Формат – выбор одного правильного ответа из нескольких.

Пример:

- 1) Какой из перечисленных ресурсов является основной базой данных нуклеотидных последовательностей?
 - a) UniProt,
 - b) PDB,
 - c) NCBI GenBank,
 - d) KEGG.

- 2) Какая аминокислота обычно приводит к излому белковой цепи в трехмерном пространстве?
 - a) Аланин
 - b) Валин
 - c) Пролин
 - d) Глицин

- 3) Что такое стоп-кодон?
 - a) Кодон, сигнализирующий о завершении трансляции.
 - b) Кодон, кодирующий последнюю аминокислоту.
 - c) Кодон, кодирующий первую аминокислоту.
 - d) Какие азотистые основания входят в состав ДНК?

- 4) Какие азотистые основания входят в состав ДНК?
 - a) Аденин, тимин, цитозин, урацил
 - b) Гуанин, тимин, цитозин, урацил
 - c) Аденин, гуанин, цитозин, тимин
 - d) Аденин, гуанин, цитозин, урацил

- 5) Кто считается основоположницей биоинформатики?
 - a) Фрэнсис Крик
 - b) Маргарет Дейхофф
 - c) Джеймс Уотсон
 - d) Розалинд Франклин

Пример итогового задания:

Сквозной практический проект на курсе : "Анализ генетической последовательности (GeneID b0911)"

Этапы:

- Самостоятельный анализ (4 часа):
- Поиск информации в NCBI GenBank
- BLAST анализ и выравнивание последовательностей
- Функциональная аннотация
- Сравнительный анализ ортологов
- Защита проекта

- Презентация результатов

Критерии оценки итогового проекта:

Полнота выполнения этапов анализа (0-20 баллов), корректность применения методов (0-20 баллов), качество оформления и презентации результатов (0-15 баллов), обоснованность выводов (0-15 баллов). Проходной балл – 48 из 80 (60%).

РАЗДЕЛ 4. ОРГАНИЗАЦИОННО-ПЕДАГОГИЧЕСКИЕ УСЛОВИЯ РЕАЛИЗАЦИИ ПРОГРАММЫ

4.1. Требования к материально-техническому обеспечению

При реализации данной образовательной программы созданы условия для функционирования электронной информационно-образовательной среды, включающей в себя электронные информационные ресурсы, электронные образовательные ресурсы, совокупность информационных технологий, телекоммуникационных технологий, соответствующих технологических средств, которые обеспечивают освоение слушателями образовательной программы в полном объеме независимо от места нахождения слушателей.

Формирование информационной среды осуществляется с помощью программной системы дистанционного обучения.

В условиях реализации образовательной программы в дистанционном формате с использованием дистанционных образовательных технологий слушатели сами обеспечивают создание необходимых материально-технических условий для осуществления учебной деятельности.

Необходимым минимальным условием использования дистанционных образовательных технологий является наличие интернет-браузера и подключения к сети Интернет. На компьютере также должен быть установлен комплект соответствующего программного обеспечения. Для работы с использованием аудиоканала, в том числе видеоконференций, необходимо наличие веб-камеры, микрофона и динамиков (наушников).

Слушатель должен иметь возможность использовать канал связи с пропускной способностью не ниже: 512 Кбит/с, для более комфортной связи рекомендовано 1 Мбит/с. Требования к скорости доступа в сеть Интернет носят рекомендательный характер и должны соблюдаться в целях беспрепятственного и своевременного освоения образовательной программы.

Для эффективного внедрения дистанционных образовательных технологий и использования электронных образовательных ресурсов имеется качественный доступ педагогических работников и слушателей к информационно-телекоммуникационной сети Интернет (далее - сеть Интернет) с использованием установленных программно-технических средств для слушателей и педагогических работников на скорости не ниже 512 Кбит/с; в труднодоступных районах, подключаемых к сети Интернет с использованием спутниковых каналов связи, скорость прямого канала должна быть не ниже 512 Кбит/с, обратного - не ниже 128 Кбит/с;

обеспечен порт доступа в сеть Интернет со скоростью не ниже 10 Мбит/с и возможностью установления не менее 20 одновременных сессий по 512 Кбит/с.

Услуга подключения к сети Интернет должна предоставляться в режиме 24 часа в сутки 7 дней в неделю без учета объемов потребляемого трафика за исключением перерывов для проведения необходимых ремонтных и профилактических работ при обеспечении совокупной доступности услуг не менее 99,5% в месяц.

Требования к скорости доступа в сеть Интернет носят рекомендательный характер и должны соблюдаться в целях беспрепятственного и своевременного освоения образовательной программы.

Для использования дистанционных образовательных технологий каждому слушателю и преподавателю предоставляется свободный доступ к средствам информационных и коммуникационных технологий.

В наличии необходимое программное обеспечение, серверное оборудование, обеспечивающее функционирование электронной информационно-образовательной среды, и высокоскоростной канал доступа к электронной информационно-образовательной среде:

1. Офисная мебель – стол и стул (рабочее место педагогического работника)
2. Демонстрационная доска (1 шт.)
3. Ноутбук (процессор с тактовой частотой от 2,0 ГГц, оперативная память — не менее 8 ГБ, твердотельный накопитель (SSD) — не менее 256 ГБ) (1 шт.)
4. Оборудование для подключения к сети интернет - роутер Wi-Fi (1 шт.)
5. Наушники – гарнитура с микрофоном (1 шт.)
6. Установлено программное обеспечение, необходимое для осуществления учебного процесса общего назначения (Антивирус KasperskyFree для Windows, Браузер Яндекс.Браузер, Яндекс.Документы).

Обучение проводится посредством электронной образовательной среды (платформы) bestudy.ru.

Платформа bestudy.ru. позволяет:

- размещать обучающие материалы и задания;
- загружать слушателям выполненные письменные, фото, видео задания, а также вопросы в адрес педагога;
- проводить вебинары педагогами, а также в процессе их проведения задавать вопросы в форме текстовых сообщений;
- осуществлять контроль прогресса изучения учебных материалов, количество выполненных слушателями заданий, а также проверять выполненные ими задания.

Требования к ПК слушателя:

ОС: Windows 7+, macOS 10.12+, Linux

ОЗУ: 4 ГБ (рекомендуется 8 ГБ)

Интернет: 2 Мбит/с минимум

Веб-камера и микрофон

Необходимое ПО (все бесплатное):

Python 3.8+ (через Anaconda Distribution)

JupyterNotebook

Веб-браузер (Chrome, Firefox, Safari)

4.2. Информационно-методическое обеспечение обучения

Рекомендованная литература:

- 1) Mount, D.W. (2014). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. CSHL Press.
Campbell, A.M., Heyer, L.J. (2003). Discovering Genomics, Proteomics, and Bioinformatics. CSHL Press.
- 2) Основы биоинформатики / С. Игнасимуту ; перевод А. А. Чумичкин. — Москва, Ижевск : Регулярная и хаотическая динамика, Институт компьютерных исследований, 2019. — 324 с.-Режим доступа: <https://www.iprbookshop.ru>
Удаленный доступ <https://www.iprbookshop.ru/91970.html>
- 3) Биоинформатика : учебник / Н. Ю. Часовских. - [Электронный ресурс]. -2020. - 352 с. . –Режим доступа: <http://marc.rsmu.ru:8020/marcweb2/Default.asp>.
- 4) Введение в биоинформатику [Текст] : [учеб. для вузов] / А. Леск ; пер. с англ. Под ред. А. А. Миронова, В. К. Швядоса. – 2-е изд. – Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2015. – 318 с. : ил.
- 5) Молекулярное моделирование [Электронный ресурс] : теория и практика : пер. с англ. / Х.- Д. Хельтье [и др.]. – 5-е изд. (эл.). – Москва : БИНОМ. Лаб. знаний, 2020. – 322 с. - Режим доступа: <http://marc.rsmu.ru:8020/marcweb2/Default.asp>.

Дополнительные ресурсы:

NCBI Handbook: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>

BioPython Tutorial: <https://biopython.org/wiki/Documentation>

NCBI GenBank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

UniProt: <https://www.uniprot.org/>

PDB: <https://www.rcsb.org/>

В базовом курсе по биоинформатике были использованы следующие источники

- Brick, K.; Pizzi, E. (2008). A novel series of compositionally biased substitution matrices for comparing Plasmodium proteins. BMC Bioinformatics, 9:236.
- Brůna, T.; Lomsadze, A.; Borodovsky, M. (2024). GeneMark-ETP significantly improves the accuracy of automatic annotation of large eukaryotic genomes. Genome Research, 34(5):757–768.
- Campbell, M. S.; Holt, C.; Moore, B.; Yandell, M. (2014). Genome Annotation and Curation Using MAKER and MAKER-P. Curr Protoc Bioinformatics, 48: 4.11.1–4.11.39.
- Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic Acids Research, 32(5):1792–1797.
- Langmead, B.; Trapnell, C.; Pop, M.; Salzberg, S. (2009). Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome. Genome Biology, 10:R25.
- Li, H.; Durbin, R. (2009). Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. Bioinformatics, 25(14):1754–1760.
- Notredame, C.; Higgins, D. G.; Heringa, J. (2000). T-Coffee: A novel method for fast and accurate multiple sequence alignment. Journal of Molecular Biology, 302(1):205–217.
- Thompson, J. D.; Higgins, D. G.; Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W... Nucleic Acids Research, 22(22):4673–4680.

- Trapnell, C.; Williams, B.; Pertea, G. et al. (2010). Transcript assembly and quantification by RNA-Seq... Nature Biotechnology, 28:511–515.

Ссылки на сайты

- <https://doi.org/10.1016/C2013-0-19118-0>
- <https://doi.org/10.1186/gb-2009-10-3-r25>
- <https://www.ebi.ac.uk/training/online/courses/biomacromolecular-structures/proteins/levels-of-protein-structure-primary/levels-of-protein-structure-secondary/>
- <https://www.embl.org/>
- <http://geneontology.org/>
- <https://www.genome.jp>
- https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-0716-3004-4_13
- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- <http://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov>
- <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19451168/>
- <https://www.rcsb.org/>
- <https://www.technologynetworks.com/drug-discovery/blog/innovations-and-versatility-in-modern-microarray-technology-368539>

4.3. Кадровое обеспечение реализации программы

Квалификация руководящих и научно-педагогических работников организации соответствует квалификационным характеристикам, установленным действующим законодательством Российской Федерации в области образования.

Требования к квалификации преподавателей:

- ✓ наличие высшего образования и/или опыта профессиональной деятельности в сфере биоинформатики, ИТ или цифровой трансформации;
- ✓ стаж работы в образовательной организации не менее 1 года либо наличие учёной степени (кандидата или доктора наук) без предъявления требований к стажу работы;
- ✓ регулярное повышение квалификации (не реже одного раза в три года), в том числе через программы по применению дистанционных образовательных технологий (ДОТ) и электронного обучения;
- ✓ владение современными методами преподавания, включая разработку и использование электронных образовательных ресурсов.

Преподаватели, участвующие в реализации программы с применением дистанционных технологий, проходят повышение квалификации в области информационных и образовательных технологий не реже одного раза в 5 лет. Для поддержания актуальности профессиональных компетенций организуются внутренние семинары, конференции и стажировки.