
УТВЕРЖДЕНА

Решением Ученого совета
АНО ВО «Центральный университет»
«25» мая 2026 г.
Протокол № 2

**Рабочая программа дисциплины (модуля)
«Анализ метагеномных данных»**

Направление подготовки: 02.04.01 Математика и компьютерные науки

Направленность (профиль) подготовки: III в биотехе

Специализация: Прикладная биоинформатика

Квалификация (степень) выпускника: магистр

Форма обучения: очная

Срок освоения программы: 2 года

Год набора: 2026

**Москва
2026**

Содержание

1. Краткая характеристика дисциплины (модуля)	3
2. Перечень планируемых результатов обучения.....	5
3. Тематический план.....	8
4. Содержание дисциплины (модуля).....	8
5. Учебно-методическое обеспечение	10
6. Материально-техническое обеспечение	10
7. Методические и оценочные материалы	12

1. Краткая характеристика дисциплины (модуля)

Рабочая программа дисциплины (модуля) «Анализ метагеномных данных» составлена в соответствии с федеральным государственным образовательным стандартом высшего образования – магистратура по направлению 02.04.01 Математика и компьютерные науки, профиль ИИ в биотехе, утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации № 810 от 23.08.2017 года.

Изучение дисциплины (модуля) «Анализ метагеномных данных» позволяет подготовить специалистов, способных проводить комплексный анализ микробиомных данных в научных и прикладных задачах – от экологии и биотехнологии до медицины и сельского хозяйства; владение современными биоинформатическими инструментами и подходами к анализу метагеномов обеспечивает возможность выявлять ключевые микроорганизмы и функции, интерпретировать их роль в экосистемах и разрабатывать решения на основе данных о микробных сообществах, что делает дисциплину актуальной и междисциплинарной.

Место дисциплины (модуля) в структуре образовательной программы

Настоящая дисциплина (модуль) включена в учебный план по программе подготовки магистратуры по направлению 02.04.01 Математика и компьютерные науки, профиль ИИ в биотехе и входит в обязательную часть Блока 1 как дисциплина по выбору, подлежащая обязательному изучению на специализации «Прикладная биоинформатика».

Дисциплина (модуль) изучается на 1 курсе во 2 семестре.

Цель изучения дисциплины (модуля): формирование у обучающихся систематических знаний и практических навыков в области метагеномики, направленных на получение, анализ и интерпретацию данных о составе и функциональной активности микробных сообществ с использованием современных биоинформатических методов и инструментов.

Задачи изучения дисциплины (модуля):

- освоить основные понятия и принципы метагеномики, включая таксономическую и функциональную ассигнацию, методы получения и обработки данных;
- изучить этапы биоинформатического анализа метагеномных данных — от контроля качества до визуализации и интерпретации;
- научиться применять специализированные пайплайны (QIIME2, Kraken2, HUMAnN и др.) для анализа данных секвенирования (shotgun и 16S/18S/ITS);
- развить умение оценивать альфа- и бета-разнообразие микробиома, выявлять ассоциации между составом сообщества и фенотипами;
- овладеть навыками функциональной аннотации, сборки и бинирования метагеномов;
- сформировать компетенции в области воспроизводимого анализа с использованием контейнеризации и workflow-систем, а также критической оценки достоверности результатов.

В результате освоения дисциплины (модуля) обучающийся должен:

знать:

- основные понятия метагеномики: метагеном, микробиом, таксономическая и функциональная ассигнация, риды, сборка, профилирование сообщества;
- принципы получения метагеномных данных: технологии секвенирования (Illumina,

Oxford Nanopore, PacBio), библиотечная подготовка, метагеномное секвенирование (shotgun, 16S/18S/ITS);

- этапы биоинформатического анализа метагеномных данных: контроль качества, предобработка, сборка, аннотация, таксономическая идентификация, функциональный анализ;
- основные базы данных и ресурсы: NCBI, SILVA, Greengenes, RDP, KEGG, COG, EggNOG, GTDB, UniRef;
- методы и алгоритмы: кластеризация OTU/ASV, картирование ридов, de novo сборка, профилирование с помощью k-mer анализа;
- принципы статистического и визуального анализа микробиомных данных: альфа- и бета-разнообразие, тесты значимости (ANOVA, PERMANOVA), визуализация (PCoA, heatmap, barplot);
- основы программирования и работы в командной строке (Linux), а также использование специализированных пайплайнов (QIIME2, mothur, MEGAN, MetaPhlAn, HUMAnN, Kraken2, etc.);
- этические и биобезопасные аспекты работы с геномными данными.

уметь:

- оценивать качество исходных данных (FASTQ) с помощью инструментов (FastQC, MultiQC);
- осуществлять предобработку данных: удаление адаптеров, фильтрация низкокачественных ридов (Trimmomatic, Cutadapt, fastp);
- проводить таксономическую идентификацию микробных сообществ (с использованием 16S rRNA или shotgun данных) с помощью QIIME2, mothur, Kraken2, MetaPhlAn;
- выполнять функциональную аннотацию метагеномов (HUMAnN3, MG-RAST, DRAM);
- собирать метагеномные ассембли (MEGANIT, metaSPAdes) и бинировать геномы (MetaBAT2, MaxBin);
- анализировать разнообразие микробиома (альфа- и бета-разнообразие) и визуализировать результаты (R/Python: vegan, phyloseq, ggplot2, seaborn);
- интерпретировать биологический смысл полученных данных: выявлять доминирующие таксоны, функциональные различия между группами, корреляции с фенотипами;
- работать с контейнеризацией (Docker, Singularity) и workflow-системами (Snakemake, Nextflow) для воспроизводимого анализа;
- составлять отчеты и презентовать результаты анализа метагеномных исследований.

владеть:

- навыками использования биоинформатических пайплайнов и онлайн-платформ (Galaxy, MG-RAST);
- навыками критической оценки достоверности и воспроизводимости результатов метагеномного анализа;
- навыками поиска, загрузки и обработки публичных метагеномных данных (SRA, ENA, Qiita);
- навыками командной работы и документирования биоинформатических проектов (Git, Jupyter, R Markdown).

2. Перечень планируемых результатов обучения

Компетенции, формируемые в результате освоения дисциплины (модуля) при проведении учебных занятий в форме контактной работы обучающихся с педагогическими работниками Университета и в форме самостоятельной работы обучающихся:

Компетенция	Содержание компетенции	Индикатор компетенции	Перечень планируемых результатов обучения по дисциплине (модулю)
УК-1.	Способен осуществлять критический анализ проблемных ситуаций на основе системного подхода, вырабатывать стратегию действий	УК-1.1.	Знает основные принципы системного подхода и методы критического анализа, а также теоретические основы стратегического планирования и принятия решений
		УК-1.2.	Умеет применять методы системного анализа для выявления ключевых проблемных ситуаций, формулировать гипотезы и разрабатывать альтернативные стратегии действий на основе полученных данных
		УК-1.3.	Имеет практический опыт в проведении анализа реальных проблемных ситуаций в рамках проектов, способен вырабатывать и обосновывать стратегии действий, учитывая различные аспекты и последствия
УК-3.	Способен решать задачи профессиональной деятельности и применять методы искусственного интеллекта в прикладных и фундаментальных исследованиях в области биологии, медицины или биотехнологий	УК-3.1.	Знает принципы и методы решения профессиональных задач, включая применение профильно-специализированных знаний в области ИИ для фундаментальных и прикладных исследований в области биологии, медицины или биотехнологий
		УК-3.2.	Умеет применять математические и компьютерные методы, формулировать результаты и анализировать их последствия для научных и практических решений
		УК-3.3.	Имеет опыт участия в проектах, где методы ИИ применялись для решения исследовательских и прикладных задач в области биологии, медицины или биотехнологий
ПК-1.	Способен определять общие формы и закономерности области искусственного	ПК-1.1.	Знает основные теоретические концепции и принципы искусственного интеллекта в биотехнологии, а также методы обработки, анализа и визуализации данных в биологии, медицине или биотехнологии

	интеллекта в биологии, медицине или биотехнологии, обрабатывать и интерпретировать данные биологических исследований	ПК-1.2.	Умеет проводить систематический анализ области профессиональной деятельности, выявлять закономерности и тенденции, моделировать основные биологические процессы и интерпретировать полученные результаты с использованием методов биоинформатики и искусственного интеллекта
		ПК-1.3.	Имеет практический опыт работы в области искусственного интеллекта в биотехнологии, включая участие в научных проектах, исследованиях или практических заданиях
ПК-2.	Способен математически корректно ставить и решать естественнонаучные и прикладные задачи в области биологии, медицины или биотехнологий	ПК-2.1.	Знает основные методы математического моделирования и теоретические основы современной биологии и биоинформатики, необходимые для корректной постановки задач
		ПК-2.2.	Умеет формулировать математические модели биологических процессов, выбирать адекватные методы решения и интерпретировать результаты в профессиональном контексте
		ПК-2.3.	Имеет практический опыт постановки и решения прикладных задач с использованием методов ИИ в области биологии, медицины или биотехнологий
ПК-3.	Способен решать задачи профессиональной деятельности и применять методы искусственного интеллекта в прикладных и фундаментальных исследованиях в области биологии, медицины или биотехнологий	ПК-3.1.	Знает принципы и методы решения профессиональных задач, включая применение профильно-специализированных знаний в области ИИ для фундаментальных и прикладных исследований в области биологии, медицины или биотехнологий
		ПК-3.2.	Умеет применять математические и компьютерные методы, формулировать результаты и анализировать их последствия для научных и практических решений
		ПК-3.3.	Имеет опыт участия в проектах, где методы ИИ применялись для решения исследовательских и прикладных задач в области биологии, медицины или биотехнологий

ПК-5.	Способен передавать результаты прикладных задач в виде профессиональных рекомендаций в области искусственного интеллекта, биоинформатики и биотехнологии	ПК-5.1.	Знает методы формулирования рекомендаций и терминологию области искусственного интеллекта и биоинформатики
		ПК-5.2.	Умеет интерпретировать результаты анализа и моделирования и формулировать рекомендации для практического применения в области биологии, медицины или биотехнологий
		ПК-5.3.	Имеет опыт разработки рекомендаций по результатам проектов в области искусственного интеллекта и биотехнологии

3. Тематический план

№ п/п	Наименование раздела дисциплины (модуля)	Трудоемкость, академические часы				ТКУ (текущий контроль успеваемости)
		Очная форма				
		Аудиторная работа		Контроль	Самостояте льная работа	
		Лекции	Семинары (практичес кие занятия)			
1	Основы метагеномики и получение данных	8	8		32	Домашнее задание Мини-проект
2	Анализ таксономического состава и разнообразия микробиомов	8	8		32	Домашнее задание Мини-проект
3	Глубокий анализ метагеномов и функциональная интерпретация	7	7		30	Домашнее задание Мини-проект
4	Работа с данными, интеграция и этические аспекты	7	7		30	Домашнее задание Мини-проект
	Зачет с оценкой			6		
Итого:		30	30	6	124	
Объем дисциплины (модуля) (в ак. ч.)		190				
Объем дисциплины (модуля) (в зач. ед.)		5				

4. Содержание дисциплины (модуля)

№п/п	Наименование раздела дисциплины (модуля)	Содержание дисциплины (модуля) по темам
1	Основы метагеномики и получение данных	Введение в метагеномику: понятия, история, области применения. Методы получения метагеномных данных: 16S rПНК и shotgun-секвенирование. Технологии секвенирования ДНК: Illumina, Nanopore, PacBio. Контроль качества и предобработка метагеномных данных.
2	Анализ таксономического состава и разнообразия микробиомов	Анализ сообществ по гену 16S rПНК: OTU и ASV. Таксономическая идентификация микробных сообществ. Анализ альфа- и бета-разнообразия микробиомов. Визуализация и интерпретация метагеномных данных.
3	Глубокий анализ метагеномов и функциональная интерпретация	Shotgun-метагеномика: принципы и преимущества. Сборка метагеномов и бинирование геномов (MAGs). Функциональная аннотация метагеномов.
4	Работа с данными, интеграция и этические аспекты	Работа с публичными метагеномными данными. Использование workflow-систем и контейнеризации. Интеграция метагеномики с другими "омикс"-данными.

		Этические, биобезопасные и нормативные аспекты метагеномных исследований.
--	--	---

5. Учебно-методическое обеспечение

Университет располагает полным набором лицензионного и свободно распространяемого программного обеспечения, включая продукты отечественного производства.

Каждый студент в течение всего периода обучения получает индивидуальный неограниченный доступ к электронно-библиотечной системе и электронной информационно-образовательной среде университета. Эти системы предоставляют возможность доступа к ресурсам из любой точки, где есть подключение к сети Интернет, как на территории университета, так и за его пределами.

Студентам обеспечен удаленный доступ к современным профессиональным базам данных и информационным справочным системам.

Основная литература:

1. Стефанов, В. Е. Биоинформатика : учебник для вузов / В. Е. Стефанов, А. А. Тулуб, Г. Р. Мавропуло-Столяренко. — Москва : Издательство Юрайт, 2026. — 249 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-20194-9. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/583663>.

2. Биотехнология. Практический курс : учебник и практикум для вузов / под редакцией А. А. Красноштановой. — Москва : Издательство Юрайт, 2026. — 174 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-20448-3. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/589750>.

Дополнительная литература:

1. Биотехнология : учебник и практикум для вузов / под редакцией Н. В. Загоскиной, Л. В. Назаренко. — 4-е изд., испр. и доп. — Москва : Издательство Юрайт, 2025. — 384 с. — (Высшее образование). — ISBN 978-5-534-16026-0. — Текст : электронный // Образовательная платформа Юрайт [сайт]. — URL: <https://urait.ru/bcode/567470>.

6. Материально-техническое обеспечение

Университет располагает материально-технической базой, соответствующей действующим противопожарным правилам и нормам и обеспечивающей проведение всех видов дисциплинарной и междисциплинарной подготовки, практической и научно-исследовательской работ обучающихся, предусмотренных учебным планом.

Помещения, которые представляют собой учебные аудитории для проведения занятий лекционного типа, занятий семинарского (практического) типа, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, а также помещения для самостоятельной работы и помещения для хранения и профилактического обслуживания учебного оборудования. Помещения укомплектованы специализированной мебелью и техническими средствами обучения, служащими для представления учебной информации большой аудитории.

Изучение дисциплины (модуля) обеспечивается в учебных аудиториях, оснащенных:

- столами и стульями;
- компьютерной техникой;
- механическими калькуляторами;
- специализированным оборудованием, включая демонстрационное оборудование.

Помещения для самостоятельной работы обучающихся, в том числе приспособленные для использования инвалидами и лицами с ограниченными возможностями здоровья, оснащены компьютерной техникой с возможностью подключения к сети «Интернет» и обеспечением доступа в электронную информационно-образовательную среду Университета.

Обучающимся предоставляется доступ (в том числе удаленный) к ресурсам информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», электронным ресурсам (в том числе электронным библиотечным системам, современным профессиональным базам данных и информационным справочным системам):

№	Наименование портала (издания, курса, документа)	Ссылка
1.	Научная электронная библиотека elibrary.ru библиотека	https://elibrary.ru/defaultx.asp
2.	База данных для IT-специалистов	https://habr.com
3.	База данных ScienceDirect	https://www.sciencedirect.com
4.	Официальный сайт Министерства науки и высшего образования Российской Федерации	https://minobrnauki.gov.ru/
5.	Федеральный портал «Российское образование»	https://www.edu.ru/
6.	Информационная система "Единое окно доступа к образовательным ресурсам"	http://window.edu.ru/
7.	Единая коллекция цифровых образовательных ресурсов	http://school-collection.edu.ru/
8.	Федеральный центр информационно - образовательных ресурсов	http://fcior.edu.ru/

Перечень информационных технологий, используемых при осуществлении образовательного процесса по дисциплине (модулю), в том числе комплект лицензионного программного обеспечения, современные профессиональные базы данных и информационные справочные системы:

Наименование ПО	Производство	Лицензионное / свободно распространяемое
Операционные системы:		
Microsoft Imagine (Windows Client, Server)	зарубежное	лицензионное
Браузеры:		
Яндекс.Браузер	отечественное	свободно распространяемое
Google Chrome	зарубежное	свободно распространяемое
Офисные приложения:		
Microsoft Imagine (Visio, OneNote)	зарубежное	лицензионное
TeXstudio	зарубежное	свободно распространяемое
Adobe Acrobat Reader	зарубежное	свободно распространяемое
Программное обеспечение для планирования и учета времени:		
Toggle app	зарубежное	свободно распространяемое
Системы управления проектами:		
Microsoft Imagine (Project)	зарубежное	лицензионное
Системы управления базами данных:		

Microsoft Imagine (SQL Server)	зарубежное	лицензионное
Системы резервного копирования (backup):		
Acronis Backup Advanced for HyperV	зарубежное	лицензионное
Справочно-правовые системы:		
КонсультантПлюс: справочно-правовая система	отечественное	лицензионное
Средства антивирусной защиты:		
Kaspersky Endpoint Security для бизнеса Стандартный Russian Edition	отечественное	лицензионное
Среды разработки:		
Visual Studio Code	зарубежное	свободно распространяемое
Bash (Unix shell)	зарубежное	свободно распространяемое
Anaconda	зарубежное	свободно распространяемое
Robotic Operating System	зарубежное	свободно распространяемое
CopelliaSim	зарубежное	свободно распространяемое
Google Colaboratory	зарубежное	свободно распространяемое
Пакеты программных средств и библиотек:		
AutoPsy	зарубежное	свободно распространяемое
Interactive Disassembler (IDA)	зарубежное	свободно распространяемое
Системы управления библиографической информацией:		
Zotero	зарубежное	свободно распространяемое
Сервисы и службы:		
Bind	зарубежное	свободно распространяемое
Docker	зарубежное	свободно распространяемое

7. Методические и оценочные материалы

Методические указания для обучающихся по освоению дисциплины (модуля)

В процессе изучения дисциплины (модуля) «Анализ метагеномных данных» в рамках текущего контроля успеваемости используются такие виды учебной работы, как лекции, семинары, домашние задания, мини-проект, а также различные виды самостоятельной работы обучающихся по заданию преподавателя, направленные на развитие навыков профессиональной лексики, закрепление практических профессиональных компетенций, поощрение инициатив.

Лекция – систематическое, последовательное, монологическое изложение преподавателем учебного материала, как правило, теоретического характера.

В процессе лекций рекомендуется вести конспект лекций: кратко и схематично фиксировать основные идеи, выводы и обобщения лекции; выделять важные мысли, ключевые слова и термины. Необходимо отметить вопросы или материалы, которые вызывают затруднения, и попытаться найти ответы в рекомендованной литературе. Если разобраться в материале не удастся, следует сформулировать вопрос и задать его преподавателю на консультации или во время семинарского (практического) занятия.

Семинар – это форма учебной деятельности, проводимая в учебном заведении под руководством преподавателя, где студенты активно участвуют в обсуждениях, Электронный документ

практических заданиях и других формах взаимодействия.

Для успешной подготовки к семинару рекомендуется заранее ознакомиться с темой занятия и основными материалами, чтобы иметь возможность активно участвовать в обсуждении. Также полезно подготовить вопросы и идеи для обсуждения, что поможет глубже понять материал и продемонстрировать заинтересованность.

Домашнее задание – набор задач по темам недели.

При работе над домашними заданиями важно внимательно ознакомиться с требованиями и сроками выполнения. Рекомендуется разбивать задания на этапы, чтобы избежать перегрузки и лучше усвоить материал, использовать различные источники информации, включая учебники и онлайн-ресурсы, для более глубокого понимания темы.

Мини-проект — это краткосрочная практическая работа в малых группах на семинарах, направленная на применение теоретических знаний для решения конкретных задач.

В ходе мини-проекта студенты проводят анализ проблемы, разрабатывают техническое решение и представляют результаты в виде отчета, модели или презентации. Такой формат способствует развитию навыков самостоятельной работы, критического мышления и командного взаимодействия.

Бонусные баллы — это оценки, которые студенты могут получить за выполнение дополнительных заданий.

Формат бонусных баллов позволяет студентам улучшить общую оценку по дисциплине (модулю) и стимулирует углубленное изучение материала.

Самостоятельная работа – работа студентов, направленная на углубленное изучение отдельных тем и вопросов учебной дисциплины (модуля).

В процессе самостоятельной работы студенты взаимодействуют с рекомендованными материалами при минимальном участии преподавателя. Задачи студента включают работу с конспектами лекций (обработка текста), повторное изучение учебных материалов планов и тезисов ответов, изучение дополнительных тем, выполнение учебно-исследовательских заданий и другое.

Система оценивания результатов обучения по дисциплине (модулю)

Критерии получения уровня и оценивания сформированности компетенций по дисциплине (модулю) «Анализ метагеномных данных»

Оценивание уровня учебных достижений обучающихся по дисциплине (модулю) осуществляется в виде текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации.

Промежуточная аттестация по дисциплине (модулю) осуществляется в форме *зачета с оценкой*, при этом проводится оценка компетенций, сформированных по дисциплине.

Для оценивания текущего контроля успеваемости и промежуточной аттестации используется десятибалльная шкала оценивания, которая соотносится с традиционной пятибалльной шкалой следующим образом, если иное не указано в syllabus дисциплины:

Десятибалльная оценка	Пятибалльная оценка	Общая характеристика результата обучения по дисциплине (модулю)
10	Отлично	Студент полностью владеет знаниями, изложенными в

Десятибалльная оценка	Пятибалльная оценка	Общая характеристика результата обучения по дисциплине (модулю)
9	Отлично	рабочей программе, и глубоко осмысляет дисциплину (модуль). Он самостоятельно и логически последовательно отвечает на все вопросы, акцентируя внимание на наиболее важном. Умеет анализировать, сравнивать, классифицировать, обобщать, конкретизировать и систематизировать изученный материал, выделяя ключевые моменты и устанавливая причинно-следственные связи. Четко формулирует ответы, уверенно интерпретирует результаты анализов и других исследований, а также решает сложные задачи. Студент хорошо знаком с методами исследования, необходимыми для практической деятельности, и умеет связывать теоретические аспекты дисциплины (модуля) с практическими задачами.
8	Отлично	
7	Хорошо	Студент обладает знаниями предмета почти в полном объеме рабочей программы и самостоятельно, логически последовательно и всесторонне отвечает на все вопросы, акцентируя внимание на наиболее значимых моментах. Он умеет анализировать, сравнивать, классифицировать, обобщать, конкретизировать и систематизировать изученный материал, выделяя его ключевые аспекты и устанавливая причинно-следственные связи. Формулирует свои ответы, уверенно интерпретирует результаты анализов и других исследований, а также решает сложные ситуационные задачи. Студент хорошо знаком с методами исследования, необходимыми для практической деятельности, и умеет связывать теоретические аспекты предмета с практическими задачами.
6	Хорошо	
5	Удовлетворительно	Студент обладает базовыми знаниями по дисциплине (модулю), но испытывает трудности при самостоятельных ответах и использует неточные формулировки. В ходе ответов он допускает ошибки, касающиеся сути вопросов. Студент способен решать только самые простые задачи и владеет лишь минимальным набором методов исследования.
4	Удовлетворительно	
3	Не сдан	Студент не овладел обязательным минимумом знаний по предмету и не может ответить на вопросы, даже если преподаватель задает дополнительные наводящие вопросы.
2	Не сдан	
1	Не сдан	

Дисциплина (модуль) «Анализ метагеномных данных» оценивается следующим образом:

Активность	Вес	Количество	Описание
Домашние задания	30%	10	Набор задач по темам недели

Активность	Вес	Количество	Описание
Мини-проект	40%	1	Краткосрочная практическая работа в малых группах на занятиях, направленная на решение конкретных задач
Зачет с оценкой	30%	1	Письменная или устная работа над заданием, направленным на проверку полученных знаний и навыков по дисциплине (модулю)

Формула расчёта итоговой оценки по дисциплине (модулю) «Анализ метагеномных данных»: $\langle 0,3 \times \text{Среднее за домашние задания} + 0,4 \times \text{Мини-проект} + 0,3 \times \text{Зачет с оценкой} \rangle$.

В рамках изучения дисциплины (модуля) возможно получение бонусных баллов.

Текущий контроль успеваемости обучающихся по дисциплине (модулю)

Примерные домашние задания

Домашнее задание 1. Основы метагеномики и предобработка данных

1. Скачайте пару FASTQ-файлов из базы данных Qiita или ENA (например, метагеном кишечника человека, проект QIITA #1166).
2. Используя FastQC, проведите первичный контроль качества: оцените распределение качества по циклам, GC-состав, наличие адаптеров.
3. С помощью fastp или Trimmomatic выполните предобработку: удалите адаптеры, отфильтруйте риды с качеством $Q < 20$, обрежьте по качеству и длине (не менее 100 п.н.).
4. Повторно запустите FastQC на очищенных данных — сравните до и после.
5. Оформите отчёт (2–3 стр.) с графиками и выводами: соответствуют ли данные требованиям для дальнейшего анализа?

Домашнее задание 2. Анализ таксономического состава и разнообразия

1. Используя данные из ДЗ1 (16S rRNA), проанализируйте таксономический состав с помощью QIIME2 (или mothur):
 - импортируйте данные,
 - определите ASV (amplicon sequence variants),
 - проведите таксономическую идентификацию (с базой SILVA или Greengenes).
2. Постройте:
 - barplot с распределением таксонов на уровне филума и рода,
 - boxplot альфа-разнообразия (Shannon, Observed ASVs) по группам (например, здоровые vs. больные).
3. Рассчитайте бета-разнообразие (UniFrac, Bray-Curtis), постройте PCoA-график.
4. Проверьте статистическую значимость различий между группами с помощью PERMANOVA.
5. Оформите краткий отчёт с графиками и интерпретацией: есть ли различия в составе микробиома?

Домашнее задание 3. Функциональная аннотация и анализ shotgun-данных

1. Скачайте метагеномные данные shotgun-секвенирования (например, из проекта Human Microbiome Project).
2. Выполните:
 - контроль качества (FastQC),
 - предобработку (fastp),
 - таксономическую идентификацию с помощью Kraken2 + Bracken.
3. Проведите функциональную аннотацию с помощью HUMAnN3:
 - получите профили генов, путей (MetaCyc, KEGG),
 - определите различия в функциональном составе между образцами.
4. Постройте heatmap по основным метаболическим путям.
5. Ответьте на вопрос: какие функции преобладают в образцах? Могут ли они быть связаны с физиологией хозяина?

Примерное описание задания и критерии оценивания к мини-проекту

Краткая практическая работа в малых группах (2–4 человека), проводимая на занятии. Участники анализируют данные shotgun-секвенирования для выявления функционального потенциала микробиома. Задача — провести функциональную аннотацию, сравнить метаболические пути между группами и интерпретировать биологическую значимость. Время выполнения — 60–120 минут. Результат — 1–2 слайда или короткий отчёт с графиком и выводом.

Этапы выполнения:

1. Получение данных (например, файл pathabundance.tsv от HUMAnN3) и метаданных.
2. Загрузка и просмотр таблицы функциональных путей.
3. Выбор ключевых метаболических путей, построение heatmap или boxplot.
4. Сравнение групп по функциональной активности, интерпретация различий.
5. Подготовка и представление результатов (вывод: какие функции различаются и почему это важно).

Критерии оценивания:

1. Корректность анализа функциональных данных.
2. Правильный выбор и визуализация значимых метаболических путей.
3. Биологическая обоснованность интерпретации (связь функций с контекстом).
4. Работа в команде — равное участие всех членов группы.
5. Чёткость и структурированность представления результатов.

Задания для промежуточной аттестации по дисциплине (модулю)

№ п/п	Задание	Ответ	Компетенция
1.	Что такое метагеном?	Совокупность всех геномов микроорганизмов в образце	УК-1
2.	В чём разница между OTU и ASV?	ASV — более точная идентификация	УК-3

		на уровне одной последовательности	
3.	Какой метод позволяет определить таксономический состав по гену 16S рРНК?	QIIME2, mothur	ПК-1
4.	Что оценивает альфа-разнообразие?	Разнообразие внутри одного образца	ПК-2
5.	Какой индекс используется для бета-разнообразия?	UniFrac, Bray-Curtis	ПК-3
6.	Что такое PERMANOVA?	Статистический тест для сравнения состава сообществ	ПК-5
7.	Какая база данных используется для таксономии 16S?	SILVA, Greengenes	УК-1
8.	Что такое shotgun-секвенирование?	Полное секвенирование всей ДНК образца	УК-3
9.	Какой инструмент подходит для таксономической идентификации shotgun-данных?	Kraken2	ПК-1
10.	Что такое HUMAnN3?	Инструмент для функциональной аннотации метагеномов	ПК-2
11.	Что позволяет получить бинирование?	Метагеномно-ассемблированные геномы (MAGs)	ПК-3
12.	Какой инструмент используется для сборки метагеномов?	MEGANIT, metaSPAdes	ПК-5
13.	Что такое PCoA?	Метод визуализации различий между микробиомами	УК-1
14.	Какой ресурс подходит для загрузки метагеномных данных?	ENA, Qiita, SRA	УК-3
15.	Что такое контейнеризация в биоинформатике?	Изоляция окружения (Docker, Singularity)	ПК-1

16.	Какой workflow-системой можно автоматизировать пайплайн?	Snakemake, Nextflow	ПК-2
17.	Что такое функциональная аннотация?	Определение биологических функций генов в метагеноме	ПК-3
18.	Какой базой данных можно воспользоваться для анализа метаболических путей?	KEGG, MetaCyc	ПК-5
19.	Почему важно учитывать биобезопасность при работе с метагеномными данными?	Возможность выявления патогенов, этические риски	УК-1
20.	Что такое MAG?	Metagenome-Assembled Genome — реконструированный геном микроорганизма из метагенома	УК-3