

Документ подписан простой электронной подписью

Информация о владельце:

ФИО: Ястребов Олег Александрович

Должность: Ректор

Дата подписания: 14.05.2026 12:41:59

Уникальный программный ключ:

sa953a0120d891083f939673078ef1a989dae18a

Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования

«Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы»

Аграрно-технологический институт

(наименование основного учебного подразделения (ОУП)-разработчика ОП ВО)

РАБОЧАЯ ПРОГРАММА ДИСЦИПЛИНЫ

МЕТАГЕНОМИКА

(наименование дисциплины/модуля)

Рекомендована МССН для направления подготовки/специальности:

06.05.01 БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

(код и наименование направления подготовки/специальности)

Освоение дисциплины ведется в рамках реализации основной профессиональной образовательной программы высшего образования (ОП ВО):

БИОИНЖЕНЕРИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

(наименование (профиль/специализация) ОП ВО)

2026 г.

1. ЦЕЛЬ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Дисциплина «Метагеномика» входит в программу специалитета «Биоинженерия и биоинформатика» по направлению 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика» и изучается в 6 семестре 3 курса. Дисциплину реализует Агробиотехнологический департамент. Дисциплина состоит из 5 разделов и 10 тем и направлена на изучение метагеномного анализа и современных технологиях высокопроизводительного секвенирования, таксономическом разнообразии почвенных микроорганизмов, функциональной метагеномике, использовании метагеномных технологий для исследования эволюционных процессов в различных экосистемах.

Целью освоения дисциплины является подготовка высококвалифицированных специалистов, имеющих глубокие знания о структурно-функциональном разнообразии микробного населения почв, ризосферы, ризопланы и эндосферы растений, а также владеющих теоретическими и практическими знаниями по использованию метагеномных технологий для решения широкого спектра научных задач.

2. ТРЕБОВАНИЯ К РЕЗУЛЬТАТАМ ОСВОЕНИЯ ДИСЦИПЛИНЫ

Освоение дисциплины «Метагеномика» направлено на формирование у обучающихся следующих компетенций (части компетенций):

Таблица 2.1. Перечень компетенций, формируемых у обучающихся при освоении дисциплины (результаты освоения дисциплины)

Шифр	Компетенция	Индикаторы достижения компетенции (в рамках данной дисциплины)
ПК-2	Способен к научно-исследовательской деятельности и анализу современного состояния и перспектив использования различных методов молекулярно-генетического анализа полиморфизма генов в прикладных целях	ПК-2.2 Способен использовать имеющиеся знания молекулярно-генетического анализа в научно-исследовательской деятельности; ПК-2.3 Способен выбирать среди методов молекулярно-генетического анализа наиболее перспективные и использовать их для решения прикладных задач;
ПК-3	Способен формировать решения, основанные на результатах обработки данных о механизмах регуляции и функционировании генов, влияющих на продуктивность животных и растений и развитие наследственных признаков биологических объектов	ПК-3.3 Формирует решения прикладных задач на основании результатов обработки данных о механизмах регуляции и функционировании генов, влияющих на продуктивность животных и растений и развитие наследственных признаков биологических объектов;

3. МЕСТО ДИСЦИПЛИНЫ В СТРУКТУРЕ ОП ВО

Дисциплина «Метагеномика» относится к обязательной части блока 1 «Дисциплины (модули)» образовательной программы высшего образования.

В рамках образовательной программы высшего образования обучающиеся также осваивают другие дисциплины и/или практики, способствующие достижению запланированных результатов освоения дисциплины «Метагеномика».

Таблица 3.1. Перечень компонентов ОП ВО, способствующих достижению запланированных результатов освоения дисциплины

Шифр	Наименование компетенции	Предшествующие дисциплины/модули, практики*	Последующие дисциплины/модули, практики*
ПК-2	Способен к научно-исследовательской деятельности и анализу современного состояния и перспектив использования различных методов молекулярно-генетического анализа полиморфизма генов в прикладных целях	Генетика; Молекулярная биология; Геномика и транскриптомика;	Методы редактирования генома; Генная инженерия с основами проектной деятельности; Практикум по генной инженерии; Практическая биоинформатика;
ПК-3	Способен формировать решения, основанные на результатах обработки данных о механизмах регуляции и функционировании генов, влияющих на продуктивность животных и растений и развитие наследственных признаков биологических объектов	Ветеринарная иммунология; <i>Фитопатология**</i> ; <i>Патология животных**</i> ;	Феномика; Практическая биоинформатика; Селекция; Нанобиотехнологии и основы тканевой инженерии; Проектно-технологическая практика;

* - заполняется в соответствии с матрицей компетенций и СУП ОП ВО

** - элективные дисциплины /практики

4. ОБЪЕМ ДИСЦИПЛИНЫ И ВИДЫ УЧЕБНОЙ РАБОТЫ

Общая трудоемкость дисциплины «Метагеномика» составляет «4» зачетные единицы.

Таблица 4.1. Виды учебной работы по периодам освоения образовательной программы высшего образования для очной формы обучения.

Вид учебной работы	ВСЕГО, ак.ч.		Семестр(-ы)
			6
<i>Контактная работа, ак.ч.</i>	54		54
Лекции (ЛК)	18		18
Лабораторные работы (ЛР)	36		36
Практические/семинарские занятия (СЗ)	0		0
<i>Самостоятельная работа обучающихся, ак.ч.</i>	72		72
<i>Контроль (экзамен/зачет с оценкой), ак.ч.</i>	18		18
Общая трудоемкость дисциплины	ак.ч.	144	144
	зач.ед.	4	4

5. СОДЕРЖАНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 5.1. Содержание дисциплины (модуля) по видам учебной работы

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
Раздел 1	Введение в метагеномику	1.1	Основные направления исследований с помощью метагеномики.	В этом разделе рассматриваются методы расшифровки геномных последовательностей.	ЛК, ЛР
Раздел 2	Структурно-функциональная организация геномов	2.1	Особенности организации геномов вирусов и прокариот	В разделе рассматриваются особенности организации геномов вирусов и прокариот: компактное строение, высокая плотность генов, наличие оперонов у бактерий, разнообразие типов нуклеиновых кислот у вирусов, а также механизмы горизонтального переноса генов и мобильные генетические элементы.	ЛК, ЛР
		2.2	Особенности организации геномов эукариот	В разделе рассматриваются особенности организации геномов эукариот: наличие линейных хромосом в ядре, избыточность ДНК с интронно-экзонной структурой генов, повторяющиеся последовательности и транспозоны, эпигенетическая регуляция через метилирование и модификации гистонов, а также наличие экстрануклеарных геномов митохондрий и пластид.	ЛК, ЛР
Раздел 3	Экспериментальные и аналитические подходы	3.1	Обзор современных платформ секвенирования и их особенностей	В разделе рассматривается обзор современных платформ секвенирования и их особенностей: технологии второго поколения с короткими прочтениями, технологии третьего поколения с длинными прочтениями и секвенированием одной молекулы, сравнительная характеристика по длине прочтений, пропускной способности, уровню ошибок и стоимости, а также критерии выбора платформы в зависимости от исследовательской задачи.	ЛК, ЛР
		3.2	Метагеномное профилирование	В разделе рассматривается метагеномное профилирование: методы таксономической классификации прочтений с использованием референсных баз данных, оценка относительного обилия таксонов, анализ альфа- и бета-разнообразия микробных сообществ, а также визуализация профилей с помощью тепловых карт и ординационных методов.	ЛК, ЛР
		3.3	Контроль качества метагеномных данных. QUASt. Программы QIIME2. piCrust. Пакеты Bioconductor	В разделе рассматриваются контроль качества метагеномных данных с использованием инструментов фильтрации и тримминга прочтений, программа QUASt для оценки качества сборки метагеномов, функциональные возможности конвейера	ЛК, ЛР

Номер раздела	Наименование раздела дисциплины	Наименование темы		Содержание темы	Вид учебной работы*
				QIIME2 для анализа микробных сообществ, программа piCrust для предсказания функционального потенциала метагенома по данным 16S рРНК, а также пакеты Bioconductor для статистической обработки и визуализации метагеномных данных.	
Раздел 4	Оценка разнообразия	4.1	Оценка разнообразия с помощью анализа k-меров	В разделе рассматривается оценка разнообразия с помощью анализа k-меров: представление метагеномных данных в виде частотного спектра k-меров, использование распределения k-меров для оценки числа уникальных геномов в сообществе, выявление контаминации и ошибок секвенирования, а также методы построения де Bruijn графов для сборки метагеномов на основе k-меров.	ЛК, ЛР
		4.2	Биннинг.	Программа МуСС. Алгоритмы биннинга. Контролируемый и неконтролируемый биннинг. Кластеризация. QUASt. Программы SPAdes, МуСС, MetaFast, GeneMark и MetaGeneMark	ЛК, ЛР
Раздел 5	Аннотация генов	5.1	Аннотация генов.	Программа MetaGeneMark. Функция гена. Алгоритмы аннотации	ЛК, ЛР
		5.2	Функциональный метагеномный анализ. Сравнительный анализ	В разделе рассматривается функциональный метагеномный анализ: аннотирование генов метагенома по базам данных KEGG и COG, предсказание метаболических путей, оценка функционального потенциала микробного сообщества, а также сравнительный анализ метагеномов между разными образцами.	ЛК, ЛР

* - заполняется только по **ОЧНОЙ** форме обучения: ЛК – лекции; ЛР – лабораторные работы; СЗ – практические/семинарские занятия.

6. МАТЕРИАЛЬНО-ТЕХНИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Таблица 6.1. Материально-техническое обеспечение дисциплины

Тип аудитории	Оснащение аудитории	Специализированное учебное/лабораторное оборудование, ПО и материалы для освоения дисциплины (при необходимости)
Лекционная	Аудитория для проведения занятий лекционного типа, оснащенная комплектом специализированной мебели; доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.	Лаборатория для проведения лабораторных и практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Камера цифровая Levenhuk M1400 PLUS; Спектрофотометр Genesys 10S Vis, Thermo; Термостат суховоздушный СПУ ТС-1/80; Ламинарный бокс БАВнп-01-«Ламинар-С»-1,2 LORICA; Аквадистиллятор ДЭ-4-02 ЭМО; Пламенный фотометр Jenway PFP 7; СТЕРИЛИЗАТОР ПАРОВОЙ КИУС; Микроцентрифуга M1324R; Холодильники Pozis, Бирюса; Шейкер для пробирок Heidolph Reax top; Термостат Allsheng MiniT-H2C; Центрифуга-вортекс CM-70M-07; Настольная центрифуга 5415 R Eppendorf; Весы Mettler Toledo; Мешалка магнитная Heidolph MR 3001; Морозильник низкотемпературный Haier DW-86W100 (100л); ПЦР-бокс БАВ-ПЦР-Ламинар-С; Источник питания Эльф-4 и электрофорезные камеры;

		<p>Трансиллюминатор ЕСХ-15С; Термоциклеры Biometra Tgradient; ДНК-амплификатор, градиентный термоблок, ТС1000-G; Гомогенизатор механический, Биоргер-6, Allsheng. Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).</p>
<p>Компьютерный класс</p>	<p>Компьютерный класс для проведения занятий, групповых и индивидуальных консультаций, текущего контроля и промежуточной аттестации, оснащенная персональными компьютерами (в количестве [Параметр] шт.), доской (экраном) и техническими средствами мультимедиа презентаций.</p>	<p>Лаборатория для проведения лабораторных и практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства: Камера цифровая Levenhuk M1400 PLUS; Спектрофотометр Genesys 10S Vis, Thermo; Термостат суховоздушный СПУ ТС-1/80; Ламинарный бокс БАВнп-01-«Ламинар-С»-1,2 LORICA; Аквадистиллятор ДЭ-4-02 ЭМО; Пламенный фотометр Jenway PFP 7; СТЕРИЛИЗАТОР ПАРОВОЙ КИУС; Микроцентрифуга M1324R; Холодильники Pozis, Бирюса; Шейкер для пробирок Heidolph Reax top; Термостат Allsheng MiniT-H2C; Центрифуга-вортекс CM-70M-07; Настольная центрифуга 5415 R Eppendorf; Весы Mettler Toledo; Мешалка магнитная Heidolph MR 3001; Морозильник низкотемпературный Haier DW-86W100 (100л); ПЦР-бокс БАВ-ПЦР-Ламинар-</p>

		С; Источник питания Эльф-4 и электрофорезные камеры; Трансиллюминатор ЕСХ-15С; Термоциклеры Biometra Tgradient; ДНК-амплификатор, градиентный термоблок, ТС1000-G; Гомогенизатор механический, Биоргер-6, Allsheng. Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).
Для самостоятельной работы	Аудитория для самостоятельной работы обучающихся (может использоваться для проведения семинарских занятий и консультаций), оснащенная комплектом специализированной мебели и компьютерами с доступом в ЭИОС.	Компьютерный класс для проведения занятий лекционного типа, практических занятий, текущего контроля и промежуточной аттестации. Комплект специализированной мебели; технические средства (16 рабочих мест): Интерактивный комплекс - интерактивная доска Triumph Board с проектором Optoma. Виртуальный лабораторный практикум «Физикон». Программное обеспечение: продукты Microsoft (ОС, пакет офисных приложений, в т.ч. MS Office/Office 365, Teams).

* - аудитория для самостоятельной работы обучающихся указывается **ОБЯЗАТЕЛЬНО!**

7. УЧЕБНО-МЕТОДИЧЕСКОЕ И ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ДИСЦИПЛИНЫ

Основная литература:

1. Биология : учебник / А. Г. Мустафин, В.Б. Захаров, И.Н. Волков [и др.] ; Под ред. А.Г.Мустафина. - Москва : КноРус, 2019, 2022, 2025. - 728 с. - (Специалитет). URL: https://mega.rudn.ru/MegaPro/UserEntry?Action=Link_FindDoc&id=476088&idb=0

2. Введение в информационную биологию и биоинформатику: учеб. пособие: в 5 т. / Отв. ред. Н.А. Колчанов, О.В. Вишневецкий, Д.П. Фурман; Новосиб. гос. ун-т.— Новосибирск: ЦРИЦ НГУ, 2012

Дополнительная литература:

1. Попов В.В. Геномика с молекулярно-генетическими основами / В.В. Попов.- М.:

ЛИБРОКОМ, 2009. - 304 с.7

2. S. Lamichhane, P. Sen, A. M. Dickens, T. Hyotylainen, M. Oresic, Ch. 14 - An Overview of Metabolomics Data Analysis: Current Tools and Future Perspectives, Edit: J. Jaumot, C. Bedia, Rom. Tauler, Comprehensive Analytical Chemistry, Elsevier, V. 82, 2018, P. 413, doi.org/10.1016/bs.coac.2018.07.001

3. Хаубольд, Бернхард. Введение в вычислительную биологию: эволюционный подход. Ижевск. 2011 г

4. В. А. Леск. Введение в биоинформатику. – Москва, 2015. – 318 с.

Ресурсы информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»:

1. ЭБС РУДН и сторонние ЭБС, к которым студенты университета имеют доступ на основании заключенных договоров

- Электронно-библиотечная система РУДН – ЭБС РУДН

<https://mega.rudn.ru/MegaPro/Web>

- ЭБС «Университетская библиотека онлайн» <http://www.biblioclub.ru>

- ЭБС Юрайт <http://www.biblio-online.ru>

- ЭБС «Консультант студента» www.studentlibrary.ru

- ЭБС «Знаниум» <https://znanium.ru/>

2. Базы данных и поисковые системы

- Sage <https://journals.sagepub.com/>

- Springer Nature Link <https://link.springer.com/>

- Wiley Journal Database <https://onlinelibrary.wiley.com/>

- Научометрическая база данных Lens.org <https://www.lens.org>

Учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся при освоении дисциплины/модуля:*

1. Курс лекций по дисциплине «Метагеномика».

* - все учебно-методические материалы для самостоятельной работы обучающихся размещаются в соответствии с действующим порядком на странице дисциплины **в ТУИС!**

РАЗРАБОТЧИК:

Директор
Агробиотехнологического
департамента

Должность, БУП

Подпись

Пакина Елена Николаевна

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ БУП:

Директор
Агробиотехнологического
департамента

Должность БУП

Подпись

Пакина Елена Николаевна

Фамилия И.О.

РУКОВОДИТЕЛЬ ОП ВО:

Директор Аграрно-
технологического института

Должность, БУП

Подпись

Довлетярова Эльвира
Анварбековна

Фамилия И.О.