

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
<div>PipelineBase (ABC)</div>	<div>src/bioetl/core/pipeline_base.py</div>	<p>Абстрактный базовый класс табличного ETL-пайплайна. Орkestрует стадии <code>extract→transform→validate→write</code>, обеспечивая единый интерфейс, логирование, валидацию (через Pandera) и атомарную запись результатов ¹ ². Также централизованно управляет ресурсами (например, закрывает подключения) и поддерживает <code>dry_run</code> режим без записи ³ ⁴.</p>	<div>run(output)</div> <div>dry_run: b</div> <div>RunResult:</div> <div>пайплайна (</div> <div>transform</div> <div>необходимо</div> <div>времени и р</div> <div>результат за</div> <div>6 .
 ex</div> <div>pd.DataFrame</div> <div>сырые данн</div> <div>API, файлы и</div> <div>DataFrame</div> <div>pd.DataFrame</div> <div>Абстрактны</div> <div>трансформа</div> <div>обогащение</div> <div>валидацией</div> <div>8 .
 va</div> <div>pd.DataFrame</div> <div>структуру да</div> <div>Pandera-схе</div> <div>свойство ли</div> <div>DataFrame, в</div> <div>отсутствии с</div> <div>упорядочит</div> <div>добавить хэ</div> <div>строк ⁹ ¹⁰</div> <div>pd.DataFrame</div> <div>WriteResul</div> <div>заданным ко</div> <div>записывает</div> <div>Parquet по р</div> <div>успешной за</div> <div>запуска (нап</div> <div>информаци</div> <div>количестве</div> <div>12 .
 re</div> <div>client: An</div> <div>внешний ре</div> <div>реестре для</div> <div>13 .
 cl</div> <div>Закрывает в</div> <div>ресурсы, вы</div> <div>dispose()</div> <div>но не преры</div>

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
StageABC	src/bioetl/core/ pipeline/base.py	Абстракция отдельной стадии пайплайна. Определяет интерфейс выполнения шага и освобождения ресурсов, обеспечивая изоляцию логики этапа и возможность композиции этапов внутри пайплайна ² .	run(context) – реализует логику стадии, принимает данные и возвращает данные передачи следующей реализации этапа. cleanup() – освобождает ресурсы, освобождает ресурсы, освобождает ресурсы. is_finished() – возвращает True, если этап завершен, иначе False. get_name() – возвращает имя этапа. get_resources() – возвращает список ресурсов, используемых этапом. get_dependencies() – возвращает список этапов, от которых зависит данный этап. get_output_schema() – возвращает схему выходных данных этапа. get_input_schema() – возвращает схему входных данных этапа. get_config() – возвращает конфигурацию этапа. get_logger() – возвращает логгер, связанный с этапом. get_metrics() – возвращает метрики, связанные с этапом. get_hooks() – возвращает список хуков, связанных с этапом. get_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит этап. get_stage_index() – возвращает индекс этапа в пайплайне. get_stage_name() – возвращает имя этапа. get_stage_type() – возвращает тип этапа. get_stage_config() – возвращает конфигурацию этапа. get_stage_logger() – возвращает логгер, связанный с этапом. get_stage_metrics() – возвращает метрики, связанные с этапом. get_stage_hooks() – возвращает список хуков, связанных с этапом. get_stage_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит этап. get_stage_index() – возвращает индекс этапа в пайплайне. get_stage_name() – возвращает имя этапа. get_stage_type() – возвращает тип этапа. get_stage_config() – возвращает конфигурацию этапа. get_stage_logger() – возвращает логгер, связанный с этапом. get_stage_metrics() – возвращает метрики, связанные с этапом. get_stage_hooks() – возвращает список хуков, связанных с этапом. get_stage_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит этап.
PipelineHookABC	src/bioetl/core/ pipeline/hook.py	Интерфейс хуков конвейера для мониторинга. Получает события начала и окончания стадий, а также ошибки, не вмешиваясь в логику, и позволяет подключить логирование, метрики или другую обработку событий пайплайна ¹⁹ .	on_stage_start(stage) – вызывается при начале выполнения этапа. on_stage_end(stage) – вызывается при окончании выполнения этапа. on_stage_error(stage, error) – вызывается при возникновении ошибки во время выполнения этапа. on_pipeline_start(pipeline) – вызывается при начале выполнения пайплайна. on_pipeline_end(pipeline) – вызывается при окончании выполнения пайплайна. on_pipeline_error(pipeline, error) – вызывается при возникновении ошибки во время выполнения пайплайна. get_name() – возвращает имя хука. get_config() – возвращает конфигурацию хука. get_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит хук. get_stage_index() – возвращает индекс хука в пайплайне. get_stage_name() – возвращает имя хука. get_stage_type() – возвращает тип хука. get_stage_config() – возвращает конфигурацию хука. get_stage_logger() – возвращает логгер, связанный с хуком. get_stage_metrics() – возвращает метрики, связанные с хуком. get_stage_hooks() – возвращает список хуков, связанных с хуком. get_stage_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит хук. get_stage_index() – возвращает индекс хука в пайплайне. get_stage_name() – возвращает имя хука. get_stage_type() – возвращает тип хука. get_stage_config() – возвращает конфигурацию хука. get_stage_logger() – возвращает логгер, связанный с хуком. get_stage_metrics() – возвращает метрики, связанные с хуком. get_stage_hooks() – возвращает список хуков, связанных с хуком. get_stage_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит хук.
CLICommandABC	src/bioetl/core/ pipeline/ cli_command.py	Интерфейс для интеграции пайплайна с CLI. Определяет контракты для регистрации CLI-команды и запуска пайплайна с переданными параметрами конфигурации, обеспечивая единообразный способ запуска из командной строки ¹⁹ .	register_command(command) – регистрирует команду в CLI-приложении. click() – запускает команду в CLI-приложении. type() – возвращает тип команды. get_name() – возвращает имя команды. get_config() – возвращает конфигурацию команды. get_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит команда. get_stage_index() – возвращает индекс команды в пайплайне. get_stage_name() – возвращает имя команды. get_stage_type() – возвращает тип команды. get_stage_config() – возвращает конфигурацию команды. get_stage_logger() – возвращает логгер, связанный с командой. get_stage_metrics() – возвращает метрики, связанные с командой. get_stage_hooks() – возвращает список хуков, связанных с командой. get_stage_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит команда. get_stage_index() – возвращает индекс команды в пайплайне. get_stage_name() – возвращает имя команды. get_stage_type() – возвращает тип команды. get_stage_config() – возвращает конфигурацию команды. get_stage_logger() – возвращает логгер, связанный с командой. get_stage_metrics() – возвращает метрики, связанные с командой. get_stage_hooks() – возвращает список хуков, связанных с командой. get_stage_pipeline() – возвращает пайплайн, к которому принадлежит команда.

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
SourceClientABC	src/bioetl/core/ pipeline/source/ client.py	<p>Интерфейс клиента внешнего источника данных. Описывает unified API для извлечения данных из внешних систем (REST API, баз данных и т.п.), скрывая детали HTTP/DB запросов. Поддерживает одиночные и пагинированные выборки данных</p>	<p>fetch_one Record N возвращает или None, 23 .
 fe ClientRequ Возвращает полученным разбиение п 25 .
 it ClientRequ Возвращает данных (каж записей и и 26 27 .
 me Any] : Пред (например, c маршруты) Закрывает с клиента, есл сессии HTTP</p>

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
BaseExternalDataClient	src/bioetl/core/ pipeline/source/ client.py	<p>Базовый класс для клиентов внешних API, реализующий SourceClientABC. Содержит общую логику пагинации и сбор данных из REST API (циклический запрос страниц, объединение параметров и т.п.)³². Конкретные клиенты (ChEMBL, PubChem и др.) наследуются от этого класса, переопределяя при необходимости специфичные части.</p>	<p>fetch_one Record N возвращает страницы ре ничего не по 33 .
 fe ClientRequ Итеративно используя постранично 25 .
 it ClientRequ Выполняет э результатов параметр сл (page_para 34 .
 me Any] : Возвр (базовый UR 29 .
 cl используем RequestsH определен м</p>
RateLimiterABC	src/bioetl/core/ pipeline/source/ client.py	<p>Интерфейс ограничителя частоты запросов. Обеспечивает соблюдение лимитов нагрузки при обращении к внешнему API (например, не более N запросов в секунду), чтобы избежать превышения квот или блокировок²⁰.</p>	<p>acquire() приостанав пока не наст следующего заданным л время).
 внутренние (например, п окна времен</p>

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
RetryPolicyABC	src/bioetl/core/ pipeline/source/ client.py	Интерфейс политики повторных попыток запроса. Определяет, в каких случаях и сколько раз повторять запрос при ошибках, а также с каким интервалом (включая стратегию экспоненциального backoff) ²⁰ .	should_retry, attempt: int, should_retry: bool, при данном попытке (возвращает True, если повторить). -> float: время (в секундах) перед следующей попыткой исходя из конкретной реализации экспоненциальной задержки
RequestBuilderABC	src/bioetl/core/ pipeline/source/ request_builder.py	Интерфейс построения запросов к внешнему источнику. Отвечает за формирование объекта запроса (ClientRequest) на основе входных параметров бизнес-логики (например, идентификаторов, фильтров), инкапсулируя логику формирования URL и параметров для клиента ²⁰ .	build_request, Any], page_size: int, -> ClientRequest, объект запроса (ClientRequest), параметры запроса, страницы. Ресурс API (маршрут) формирует эндпоинт, зная детали
ResponseParserABC	src/bioetl/core/ pipeline/source/ parser.py	Интерфейс парсера отклика от внешнего источника. Определяет преобразование сырых данных ответа (обычно JSON) в стандартные записи (словарь Record) для последующей обработки в пайплайне ²⁰ . Отделяет логику разбора и нормализации ответа API от логики его получения.	parse(raw_response: Iterator[Record]), (например, JSON), итеративно парсит записи Record, извлечение данных из типов и структуры, позволяет организовать стриминговую обработку
PaginatorABC	src/bioetl/core/ pipeline/source/ parser.py	Интерфейс логики пагинации для разбора ответов. Описывает способ извлечения списка элементов и маркера продолжения из полученного ответа API, абстрагируя различия в форматах пагинации у разных источников ²⁰ .	extract_items, list[Record], ответ списка элементов, страницы. Нормализованный JSON-ответ, элемент в Record формате. -> str None, маркер или None, страницу (на cursor), None, заданному курсору, дальнейших

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
TransformerABC	src/bioetl/core/ pipeline/ processing/ transform.py	Интерфейс трансформации данных. Определяет детерминированные преобразования входного DataFrame без взаимодействия с внешними системами – например, очистку значений, переименование колонок, приведение типов – перед дальнейшим обогащением и валидацией ⁴³ .	transform pd.DataFrame чисто функц изменяя вне новый DataF данными. Га одинаковым идентичный (детермини
LookupEnricherABC	src/bioetl/core/ pipeline/ processing/ enrich.py	Интерфейс обогащения данных с помощью внешних справочных данных (lookup). Отвечает за добавление в таблицу недостающей информации из внешних источников/словарей (например, подтягивает данные по внешним ключам) ⁴³ . Использует поставщика побочных данных (SideInputProviderABC) для доступа к справочникам.	enrich(df SideInputP pd.DataFrame DataFrame, и данные из добавлять н значения ид данными из новый DataF информаци
SideInputProviderABC	src/bioetl/core/ pipeline/ processing/ enrich.py	Интерфейс поставщика сторонних (побочных) данных для обогащения. Абстрагирует доступ к справочникам, кэшам или внешним источникам, которые используются в процессах обогащения (lookup) для получения дополнительной информации ⁴³ .	get_data(Предоставля заданному к Например, м словарь с да относящими таблице, есл может осущ файла, БД, А подготовлен
DeduplicatorABC	src/bioetl/core/ pipeline/ processing/ dedup.py	Интерфейс для выявления и удаления дубликатов в данных. Определяет контракт консолидации записей с одинаковыми бизнес-ключами и устранения повторов перед загрузкой данных, обеспечивая идемпотентность пайплайна ⁴³ .	deduplica pd.DataFrame записи в Dat определенн совпадения DataFrame, и (при необхо информаци стратегии сл использует вычисления хэшировани MergeStra дубликатов.

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
BusinessKeyDeriverABC	src/bioetl/core/ pipeline/ processing/ dedup.py	Интерфейс вычисления бизнес-ключа записи. Бизнес-ключ – человечески осмысленный уникальный идентификатор сущности (например, комбинация нескольких полей), используемый для определения дубликатов независимо от технических первичных ключей ⁴⁴ ⁴⁵ .	derive_key Вычисляет бизнес-ключ (словаря) на основе подмножества полей. Например, для ключом может быть название+высказанная строку, одноименная бизнес-сущности.
HasherABC	src/bioetl/core/ pipeline/ processing/ dedup.py	Интерфейс хеширования записи. Определяет способ вычисления детерминированного хэша (например, MD5, SHA) по содержимому записи для целей идентификации и сравнения записей ⁴⁶ ⁴⁵ . Хэши применяются для отслеживания изменений и проверки идемпотентности.	hash(record) Вычисляет контрольный хэш. Гарантирует сохранение хэша. Реализация хеширования строки).
MergeStrategyABC	src/bioetl/core/ pipeline/ processing/ dedup.py	Интерфейс стратегии слияния дубликатов. Определяет, как несколько записей, признанных дубликатами, объединяются в одну “консолидированную” запись перед загрузкой, чтобы информация не терялась ⁴⁷ .	merge(records) Объединяет дубликаты. Реализация записей бракованная предпочтительна. Максимально объединять запись, содержащую данные.
SchemaProviderABC	src/bioetl/core/ pipeline/ validation/ schema.py	Интерфейс поставщика схемы данных. Предоставляет описание структуры и типов данных, ожидаемых на этапе валидации, абстрагируя конкретную реализацию схем (Pandera, Pydantic и т.п.) от остальной логики пайплайна ⁴⁵ .	get_schema() Объект схемы данных. DataFrame аналог из данных, обработанных. Конкретные данные по схеме прогружаются из источника.

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
ValidatorABC	src/bioetl/core/ pipeline/ validation/ validator.py	Интерфейс валидатора данных. Обобщает применение схемы и правил качества данных (DQ) к результирующему DataFrame, формируя отчет о найденных нарушениях. Позволяет отделить проверку данных от бизнес-логики пайплайна ⁴⁵ .	validate() Validation на соответст правилам ка SchemaPro и набор DQ проверок (н обязательно результата в сведения о п проверках (н ошибок) ⁴⁵
DQRuleABC	src/bioetl/core/ pipeline/ validation/ dq_rules.py	Интерфейс правила качества данных (Data Quality Rule). Определяет отдельное проверочное правило, не выражаемое лишь схемой (например, межколоночные зависимости, допустимые диапазоны значений, уникальность и пр.). Выделение DQ-правил позволяет гибко расширять проверки качества без изменения схемы ⁴⁸ .	check(df: list[DQIss качества к D обнаруженн пустой спис проверку. Ка проблему (н допустимого включает сс Реализация проверять д результаты.
PathStrategyABC	src/bioetl/core/ pipeline/output/ path_strategy.py	Интерфейс стратегии формирования путей вывода. Определяет, как строятся пути и имена файлов для результатов пайплайна, чтобы обеспечить детерминизм и организованность вывода (например, единообразное именование по сущности, источнику, дате) ⁴⁹ .	make_path str, base_ Генерирует для данного название па запуска и ба может добав подпапки по входных зна одинаковый
WriterABC	src/bioetl/core/ pipeline/output/ writer.py	Интерфейс компонента записи данных. Отвечает за непосредственную запись итогового DataFrame на диск (в файл) с обеспечением атомарности и соблюдением форматов. Инкапсулирует детали сортировки, выбора формата (CSV/Parquet) и предотвращения частично записанных результатов ⁴⁹ .	write(df: > None): Заг DataFrame в должна: отс столбцам (за пайплайна), расширени .parquet), имя и затем атомарности записи долж

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
MetadataWriterABC	src/bioetl/core/ pipeline/output/ writer.py	Интерфейс записи метаданных запуска. Отвечает за сохранение вспомогательной информации о выполнении пайплайна – статистики и параметров запуска – в отдельный файл (например, meta.yaml рядом с данными) ⁴⁹ .	write_metadata meta_path: метаданные файл. Реализация необходима идентификация время начала этапов, коли флаг dry_run файла, хэш- человекочит YAML или JSO
ConfigResolverABC	src/bioetl/core/ pipeline/utils/ config.py	Интерфейс загрузки и разрешения конфигурации пайплайна. Инкапсулирует логику чтения конфигурационных файлов (например, YAML), слияния с дефолтами, применения переменных окружения и других преобразований, обеспечивая единый способ получения настроек для запуска пайплайна ⁵¹ .	resolve(confi PipelineCo пайплайна п Реализация конфигураци <config_na возвращать Также может секретов и з SecretProvi валидации с проверки.
SecretProviderABC	src/bioetl/core/ pipeline/utils/ config.py	Интерфейс доступа к секретам (пароли, токены API и др.). Предоставляет абстракцию над хранилищем чувствительных данных (например, переменными окружения, Vault, AWS Secrets Manager), позволяя безопасно подключать секреты в конфигурацию пайплайна ⁵¹ .	get_secret Возвращает имени/ключ источник (на окружения с обращение и обеспечив напрямую в может генер
CacheABC	src/bioetl/core/ pipeline/utils/ cache.py	Интерфейс кэша для промежуточных данных. Предоставляет унифицированный доступ к механизму сохранения и повторного использования данных между запусками или между этапами (например, кэширование результатов запросов к API, чтобы не дублировать вызовы) ⁵¹ .	get(key: s из кэша по к такой записи value: Any заданный об (перезапись существовал определять размера и п

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
LoggerAdapterABC	src/bioetl/core/ pipeline/utils/ logging.py	Интерфейс адаптера логирования. Обеспечивает унифицированный способ структурированного логирования событий пайплайна, не зависящий от конкретной библиотеки логирования. Позволяет привязывать контекст (например, <code>run_id</code> , имя пайплайна) и логировать события пайплайна консистентно ⁵¹ .	<code>bind(**fi</code> Logger Adap логгер/адап контекстным <code>run_id</code> для сообщений) <code>**kwargs:</code> информаци названием/ полями дан значение в <code>str, **kwa</code> событие уро фиксирован ситуаций, со данными.
TracerABC	src/bioetl/core/ pipeline/utils/ tracing.py	Интерфейс трассировки выполнения. Позволяет интегрировать пайплайн с системами трассировки (distributed tracing) или собственным механизмом отслеживания выполнения этапов. Предоставляет методы для обозначения начала/конца важных операций, что упрощает отладку и мониторинг производительности ⁵¹ .	<code>start_spa</code> Отмечает на или этапа с трассировоч например, с распределе трассировке <code>None</code> : Отме операции. И продолжите Реализация <code>start_spa</code> контексту.
ErrorPolicyABC	src/bioetl/core/ pipeline/utils/ error.py	Интерфейс политики обработки ошибок. Определяет стратегию реагирования на исключения, возникающие во время выполнения пайплайна: продолжать выполнение, пропускать текущий элемент, повторять попытку или прерывать пайплайн ⁵² . Позволяет отделить логику обработки сбоев от основного кода пайплайна.	<code>on_error(s</code> Exception) оркестратор на стадии <code>s</code> <code>ErrorActi</code> дальше (нап текущую за конвейер). Р исключения этапа и друг политики.

Класс/Интерфейс	Модуль	Назначение	Методы
ProgressReporterABC	src/bioetl/core/ pipeline/utils/ progress.py	Интерфейс агрегированного репортинга прогресса пайплайна. Собирает и регистрирует статистику по ходу выполнения: количество успешно обработанных записей, количество отброшенных/невалидных, причины отбраковки и пр. – без влияния на сам процесс обработки ⁴⁵ ⁵³ . Разделяет сбор статистики от бизнес-логики, предоставляя единый источник правды о ходе выполнения.	on_stage_ Фиксирует н (например, л логирует ста этапа). str) -> No обработанны (вызывается обработки, л валидаторов указанием причины).<k str) -> No стадии, окон (время, коли отброшенны и сохранены

1 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 50	PipelineBase_description.md https://github.com/SatoryKono/bioactivity_data_acquisition/blob/98f17f432532cddd56d0a07fd4796b37c54677ec/_docs/PipelineBase_description.md
2 20 43 44 45 46 49 51	architecture_plan.md https://github.com/SatoryKono/bioactivity_data_acquisition/blob/98f17f432532cddd56d0a07fd4796b37c54677ec/_docs/architecture_plan.md
19 47 48 52	abstract_objects_implementation_plan.md https://github.com/SatoryKono/bioactivity_data_acquisition/blob/98f17f432532cddd56d0a07fd4796b37c54677ec/_docs/abstract_objects_implementation_plan.md
21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42	client_abc.py https://github.com/SatoryKono/ChEMBL_data_acquisition/blob/14d2538df65b6d02dac4cb4703ee7ba34b501e32/src/bioetl/clients/base/client_abc.py
53	ProgressReporterABC.md https://github.com/SatoryKono/bioactivity_data_acquisition/blob/98f17f432532cddd56d0a07fd4796b37c54677ec/_docs/ProgressReporterABC.md