

## АННОТАЦИЯ

Выпускной квалификационной работы по теме

**«Анализ результатов высокопроизводительного секвенирования генома возбудителя сапа».**

**Исполнитель:** студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета А. Цымбал (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»)

**Научный руководитель:** асс. Кафедры молекулярной биологии и генетики, к.м.н. К.В. Жуков

**Научный консультант:** асс. Кафедры молекулярной биологии и генетики, И. М. Шпак

**Сроки выполнения:** 2016-2017 уч. год

**Цель исследования:** Изучить особенности генома *B. mallei* 10230

**Задачи исследования:**

1. Выполнить анализ данных высокопроизводительного секвенирования генома *B. mallei*
2. Осуществить сборку генома de novo и на референсной последовательности
3. Сравнить эффективность используемых программ для сборки геномов
4. Произвести аннотацию полученных последовательностей генома и её развернутой характеристики

**Дизайн исследования:**

- 1.1 Для сравнительного анализа результатов высокопроизводительного секвенирования генома *B. mallei* необходимо:
  - 1.1.1 Произвести оценку качеств прочтений, полученных в результате высокопроизводительного секвенирования генома *B. mallei* 10230

1.2. Осуществить сборку генома с применением ассемблеров SPAdes, NEWBLER и MIRA 4.

1.3 Провести поиск референсных последовательностей с использованием онлайн-сервера BLASTN

1.4 Проанализировать характеристики сборок и провести выравнивание на референс с использованием программы QUAST

1.5 Осуществить аннотацию генома с использованием сервера RAST с последующей развернутой характеристикой

**Предполагаемые пути решения задач:**

Сборку генома de novo необходимо провести в ассемблерах SPAdes, NEWBLER и MIRA 4, после чего проанализировать и оценить качество результатов сборки с применением программы QUAST. Для этого необходимо осуществить поиск референсных последовательностей, формируя запрос в сервер BLASTN.

Для создания аннотации полученных последовательностей необходимо воспользоваться данными с сервера RAST и NCBI, выявить белки, кодируемые последовательностями и определить их функции и значение.

**Исполнитель:**

Студент направления подготовки «Биология» профиль «Генетика»



А. Цымбал

Научный руководитель: асс. кафедры молекулярной биологии и генетики, к.м.н.



К.В. Жуков

Научный консультант: вр. и.о. зав. сектора биоинформационного анализа ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора,



И.М. Шпак

25.04.12