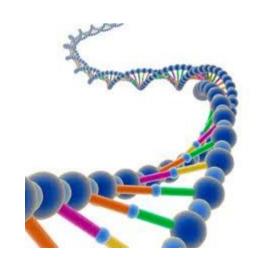
Стажировки в лаборатории алгоритмической биологии

Проект: QUAST: Quality Assessment Tool



Оценка качества

Качество сборки:

набор численных метрик и графиков

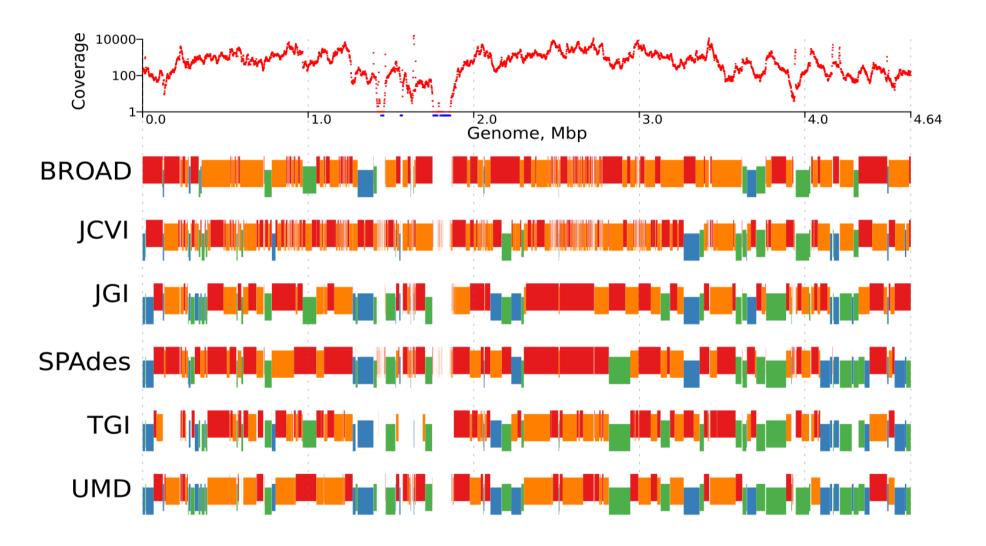
Актуальность:

- Разработка и отладка ассемблера
- Оценка "надежности" ассемблера
- Сравнение ассемблеров между собой

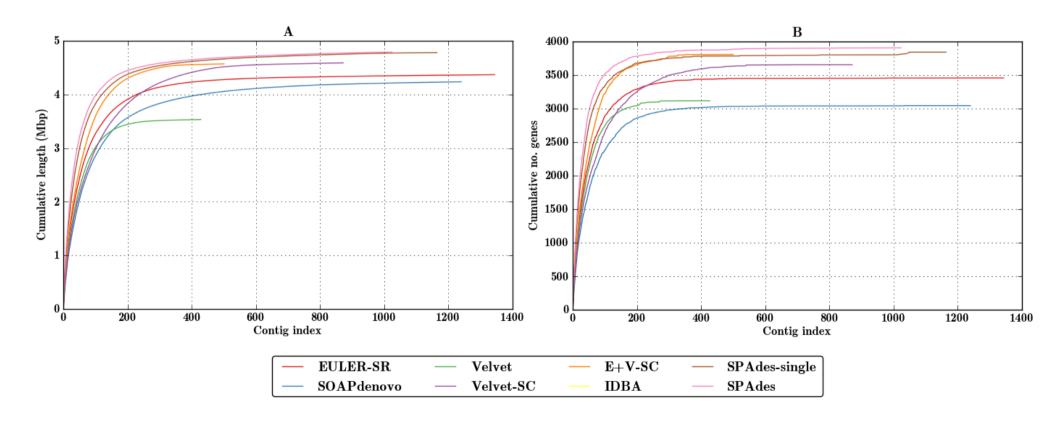
Что есть

- Консольное приложение на Python с элементами Perl, Java, R
- На входе: сборки, референсный геном, дополнительная информация (например, гены)
- На выходе: отчеты, таблицы, графики, etc

Пример: Сравнение контигов



Пример: Графики длины сборки и количества генов от количества контигов



Пример: Сводная таблица

Assembler	# contigs	N50 (bp)	Largest (bp)	Total (bp)	Covered (%)	Misassemblies	Mismatches (per 100 kbp)	Complete genes
Single-cell E. coli (E	COLI-SC)							
EULER-SR	1344	26662	126616	4369634	87.8	21	11.0	3457
SOAPdenovo	1240	18468	87533	4237595	82.5	13	99.5	3059
Velvet	428	22648	132865	3533351	75.8	2	1.9	3117
Velvet-SC	872	19791	121367	4589603	93.8	2	1.9	3654
E+V-SC	501	32051	132865	4570583	93.8	2	6.7	3809
SPAdes-single	reads 1164	42492	166117	4781576	96.1	1	6.2	3888
SPAdes	1024	49623	177944	4790509	96.1	1	5.2	3911
Normal multicell san	nple of E. coli (E	COLI-MC)						
EULER-SR	295	110153	221409	4598020	99.5	10	5.2	4232
IDBA	191	50818	164392	4566786	99.5	4	1.0	4201
SOAPdenovo	192	62512	172567	4529677	97.7	1	26.1	4141
Velvet	198	78602	196677	4570131	99.9	4	1.2	4223
Velvet-SC	350	52522	166115	4571760	99.9	0	1.3	4165
E+V-SC	339	54856	166115	4571406	99.9	0	2.9	4172
SPAdes-single	reads 445	59666	166117	4578486	99.9	0	0.7	4246
SPAdes	195	86590	222950	4608505	99.9	2	3.7	4268

Что нужно

Техническая часть:

- web-service (Django),
- реализация новых метрик (Python),
- etc

Идеологическая часть:

- работа с мультихромосомными геномами,
- оценка качества при отсутствии референсного генома,
- etc

Спасибо за внимание!

Вопросы?

http://bioinf.spbau.ru/intalexei.gurevich@gmail.com