

Assembly genomu *Silene latifolia*

1. prezentace týmového bioinformatického projektu

Hana Bandouchová, Adam Bonislavský, Filip Jagoš, Martin Richter
Vedoucí: doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

Masarykova univerzita

7. října 2024

(Rekapitulace) Zadání projektu

- Sestrojit assembly genomu silenky
- Co nejvyšší kvality
- Vizualizovat výsledky a kvalitu

Naše data

- Illumina + Oxford Nanopore (MinION),
 - Celkem 3 sekvenační runy, 2 + 1
 - Kombinace dlouhých a krátkých readů a jejich odlišná přesnost
-
- Dostupný referenční genom úrovně **scaffold**

Metody

Potřebné kroky:

- *Basecall*
- Assembly
 - > Nejdříve dlouhé ready, pak polish pomocí dat z Illumina
 - > Nejprve krátké ready, pak ujištění pomocí Nanopore
- Filtrace dat a kontrola kvality

Pro výpočty budeme využívat Metacentrum

- > Zjistit dostupnost nástrojů

Rozdělení práce

- Vybrat nástroje
- Zorientovat se v datech
- Vytvořit workflow / pipeline
- Spustit výpočet na Metacentru
- Vyhodnotit výsledky

Časový plán projektu

- 23. 9. 2024 Výběr projektu, obdržení dat, rešerše literatury
- **7. 10. 2024 – Úvodní prezentace**
 - > Data, cíle, zvolené metody
- 4. 11. 2024 – 2. prezentace
 - > Průběžné výsledky, kontrola kvality
- 2. 12. 2024 – 3. prezentace
 - > Většina výsledků, statistické analýzy, vizualizace
- 16. 12. 2024 – 4. prezentace, minikonference
 - > Cíle projektu, jejich splnění, metodika, vizualizace

Děkujeme vám za pozornost!

**MASARYKOVA
UNIVERZITA**