

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Факультет прикладной математики и информатики

Кафедра биомедицинской информатики

Аннотация к дипломной работе

**«Веб-сервис для анализа полногеномных данных
микобактерий туберкулеза»**

Баженов Иван Павлович

Научный руководитель – доктор физ.-мат. наук, профессор Тузиков А. В.

Минск, 2019

Реферат

Дипломная работа, 43 страницы, 15 рисунков, 1 формула, 14 источников.

СЕКВЕНИРОВАНИЕ И КАРТИРОВАНИЕ ГЕНОМА, РЕФЕРЕНСНЫЙ ГЕНОМ, ПАЙПЛАЙН, ВЕБ-СЕРВИС, REST API, PYTHON, DJANGO, DOCKER, APACHE AIRFLOW.

Объект исследования – сборка и анализ геномов микроорганизмов.

Цель работы – разработка веб-сервиса, реализующего пайплайн по сборке и анализу полногеномных данных микобактерий туберкулеза на основе современных инструментов

В ходе работы были изучены основные сведения о сборке генома из набора коротких прочтений. Также были разобраны современные подходы к проектированию веб-сервисов на динамическом языке программирования Python, с помощью веб-фреймворка Django. На основе полученных знаний разработан веб-сервис, реализующий пайплайн по сборке и анализу полногеномных данных микобактерий туберкулеза. Данная работа обладает потенциалом для дальнейших исследований и интеграции в рамках международного проекта по борьбе с туберкулезом - TB Portals.

Областью применения является сборка и анализ генома на лекарственную устойчивость.

Abstract

Diploma thesis, 43 pages, 15 figures, 1 formula, 14 sources.

GENOME SEQUENCING AND MAPPING, REFERENCE GENOME, PIPELINE, WEB-SERVICE, REST API, PYTHON, DJANGO, DOCKER, APACHE AIRFLOW.

Object of research – assembly and analysis of the genomes of microorganisms.

Objective – development of a web-service that implements the pipeline for the assembly and analysis of full-genome data for Mycobacterium tuberculosis based on modern tools.

Basic information about genome assembly from short sequence reads were studied. Modern approaches for designing web-services on Python - dynamic programming language, using Django web-framework were also analyzed. Based on the obtained knowledge, a web-service that implements the pipeline for assembling and analyzing full-genome data for Mycobacterium tuberculosis was developed. This work has the potential for further research and integration to international tuberculosis control project - TB Portals.

The scope is assembly and analysis of the genome for drug resistance.