

## Практикум 6 - Секвенирование по Сэнгеру

Заданный мне файл - 27\_F.ab1

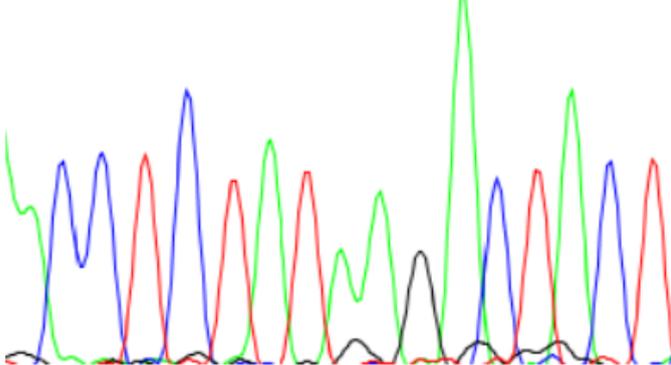
Длина хроматограммы – 718 (нуклеотидов)

Длина начального трудно читаемого участка  $\approx 34$  (1-34)

Длина конечного трудно читаемого участка  $\approx 42$  (676-718)

Уровень шума на протяжении хроматограммы низкий, но имеются локальные области с повышенным уровнем шума.

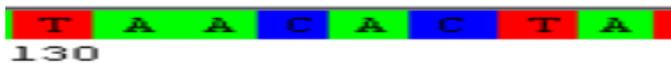
### Примеры с разным отношением сигнала и шума



шум есть, но не мешает интерпретации



шум есть и мешает интерпретации



шум почти отсутствует

## Проблемные нуклеотиды

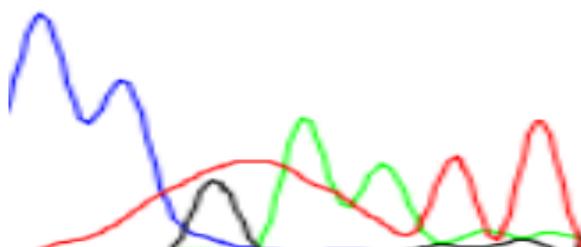


|1|

**Координаты:** 79-83

**Причина:** пятно краски

**Решение:** интерпретация реализуема, но рекомендуется повторить форец.



|2-3|

**Координаты:** 682 и 688

**Причина:** полиморфизм

**Решение:** с большой вероятностью, это гетерозигота. Можно предположить, что пик С в 688 позиции – наложение сигнала (подряд стоящие С=> сигнал мог не успеть упасть), но в 687 позиции сигнал падает. Оба пика С и Т четкие и равные по высоте, вероятно это гетерозигота.

Позиция 682 может иметь полиморфизм по двум причинам: гетерозиготность или наложение сигнала. Вероятнее, это гетерозиготность, так как падение пика С соответствует падению пика Т и вблизи проблемного нуклеотида не наблюдается повторяющихся участков.

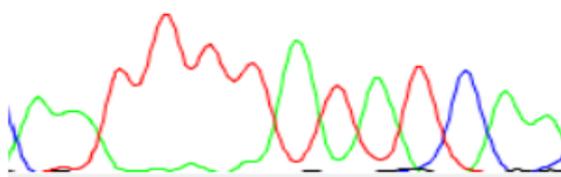


|4|

**Координаты:** 654-661

**Причина:** загрязненная матрица

**Решение:** пики на хроматограмме слева имеют крутые края, а справа - пологие, что свидетельствует о загрязненности матрицы солями. Рекомендуется переосадить матрицу спирт-ацетатным методом



G T T N C C N  
710

|5|

**Координаты:** 714-715

**Причина:** задержанное начало

**Решение:** на хроматограмме отсутствуют четко выраженные пики. Причиной могут выступать задержка образца в капилляр секвенатора или загрязненность матрицы солями. Следует провести повторный форец или очистить матрицу.

