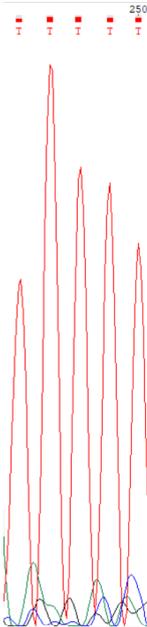


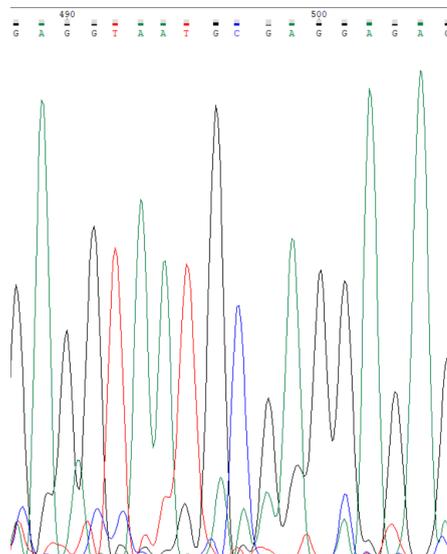
Выполнил Гославский Лев, ФББ 202

Я проводил анализ файла, полученного в ходе капиллярного секвенирования. Ниже представлена сводная информация о данных, представленных в этом файле.

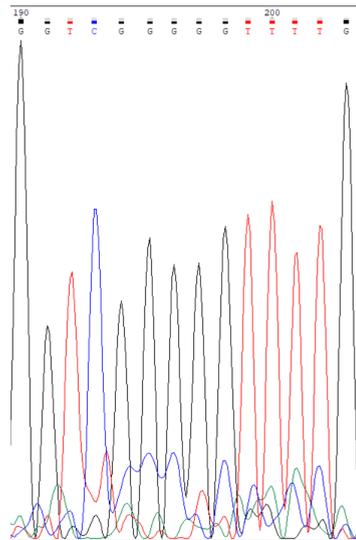
1. Название файла: 12_F.ab1
2. Длина хроматограммы: 719 нуклеотидов.
3. Длины начального и конечного трудно читаемых фрагментов “на глаз”: 132 и 209 нуклеотидов соответственно.
4. Оценил “на глаз” отношение сигнала и шума в среднем: если не считать начальный и конечный фрагмент, то шум в среднем не особо высокий, большого шума нет, разве что вначале (132-202 позиция) (после начального фрагмента) - повыше чем дальше. Самый лучший сигнал с низким шумом в центральном участке хроматограммы, как и положено.
5. Привожу примеры разных участков хроматограммы в виде картинок:
 - a. “шума” почти нет



- b. “шум” мешает интерпретации сигнала



с. “шум” есть, но не мешает интерпретации сигнала



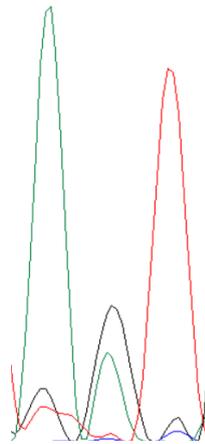
Далее я выбрал несколько проблемных нуклеотидов и постарался их интерпретировать:

1. Первый нуклеотид

a. координата: 384

b. причина выбора: полиморфизм (то ли гуанин, то ли аденин = R)

c. решение: предполагаю, что это гетерозигота или соматическая мутация, поэтому нужно оставить оба нуклеотида



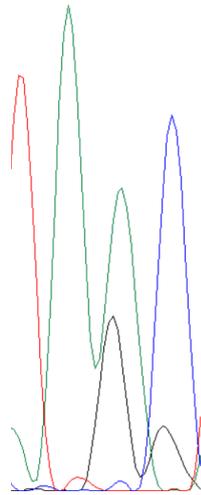
d. картинка:

2. Второй нуклеотид

a. координата: 464

b. причина выбора: полиморфизм (какой-то пурин = R)

c. решение: предполагаю, что это гетерозигота или соматическая мутация, и нужно оставить оба нуклеотида, но не так уж уверен



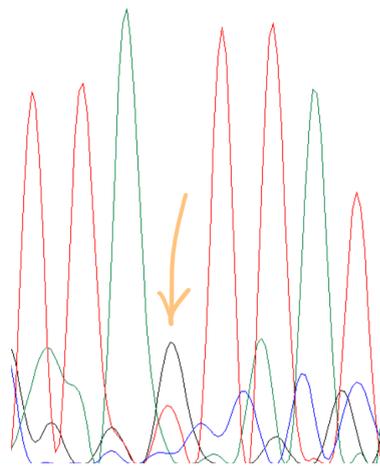
d. картинка:

3. Третий нуклеотид

a. координата: 158

b. причина выбора: полиморфизм (G и T = K)

c. решение: судя по величине пиков это скорее шум, нежели гетерозигота, так что учитывать вообще не надо в итоге



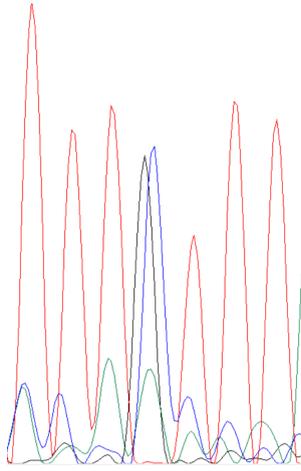
d. картинка:

4. Четвертый нуклеотид

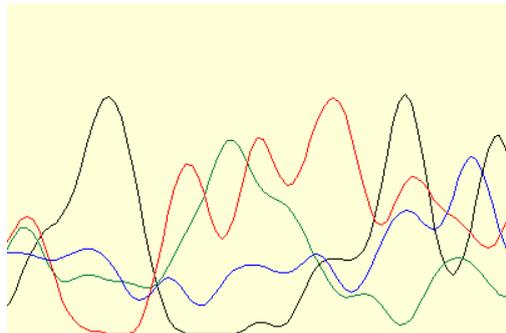
a. координата: 169

b. причина выбора: частично наложались два пика (от G и C)

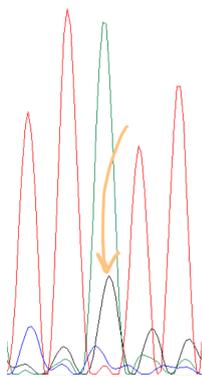
c. решение: думаю, из-за какой-то технической ошибки (во время фореа например) пики наложались, но вообще это могут быть два нуклеотида, и оба надо оставить (G и C), а ниже них шум. Но может и только один из них правильный...



- d. картинка:
5. Пятый нуклеотид
- координата: 50
 - причина выбора: невнятные пики, накладывающиеся друг на друга
 - решение: это начальный участок, а на нём проблемы - это нормально, это как чёрная полоса в жизни, например из-за того, что праймеры могут отжигаться неспецифично на другие участки последовательности или вообще какие-то другие последовательности. Грусть, печаль. Этот участок не надо оставлять для дальнейшего анализа.



- d. картинка:
6. Шестой нуклеотид
- координата: 295
 - причина выбора: помимо основного пика "А" ещё есть пик "G". Он поменьше, но всё-таки выше уровня шума
 - решение: наверное это всё-таки шум, хоть он и немного выше остальных шумовых пиков. Разница в высоте с нашим основным велика, так что для анализа будем считать что там А.



- d. картинка: