Dit is een klein verslag waarbij er antwoord word geprobeerd te geven op de volgende vraag:

Why do different software packages give different blast results?

Hierbij was het mij taak om de torrent suite software te testen.

Torrent suite heeft geen opties of functies die verkregen sequenties kan trimmen of blasten. Ook via extra software zoals publiekelijk verkrijgbare plug-ins zijn deze functies naar mijn weten niet toe te voegen. In vergelijking met de 2 andere pakketen is de torrent suite een stuk kaler en heeft het een andere focus namelijk het direct uitlezen van bijvoorbeeld een ion torrent machine en een simple QC analyse te doen. Ook is het meer gericht op het zoeken naar en vinden van gen variaties.

Verder is het programma lastiger gebruik klaar te maken. Het programma is niet als installer te downloaden maar als virtuele machine. Als je het niet door iemand van life-scienes of systeem beheerder laat opzetten dan zal het minder makkelijk te instaleren zijn. Iemand met een beetje kennis van Linux en virtuele machines zal er niet heel veel tijd aan kwijt zijn maar een leek zal er meer moeite mee hebben.

Omdat mijn programma geen trim en blast functie heeft ben ik de fasta files met de blast op de ncbi website gaan blasten. De ncbi website gebruik andere default instellingen dan clc bio. De instellingen van clc bio hadden als verschil dat de score voor een match 1 is terwijl de ncbi 2 gebruikt. In vergelijking met geneious is de setting van word-size anders. Bij de wegsite van ncbi is de word-size 11 en bij geneious is dat 28. Ook is de match mismatch van 1/-2 bij geneious en 2/-3 bij de ncbi anders.

Gewerkte uren:

8 uur programma

10 uur plan van aanpak

3 uur vergaderingen

1 blast

0.5 uur verslag progrmma