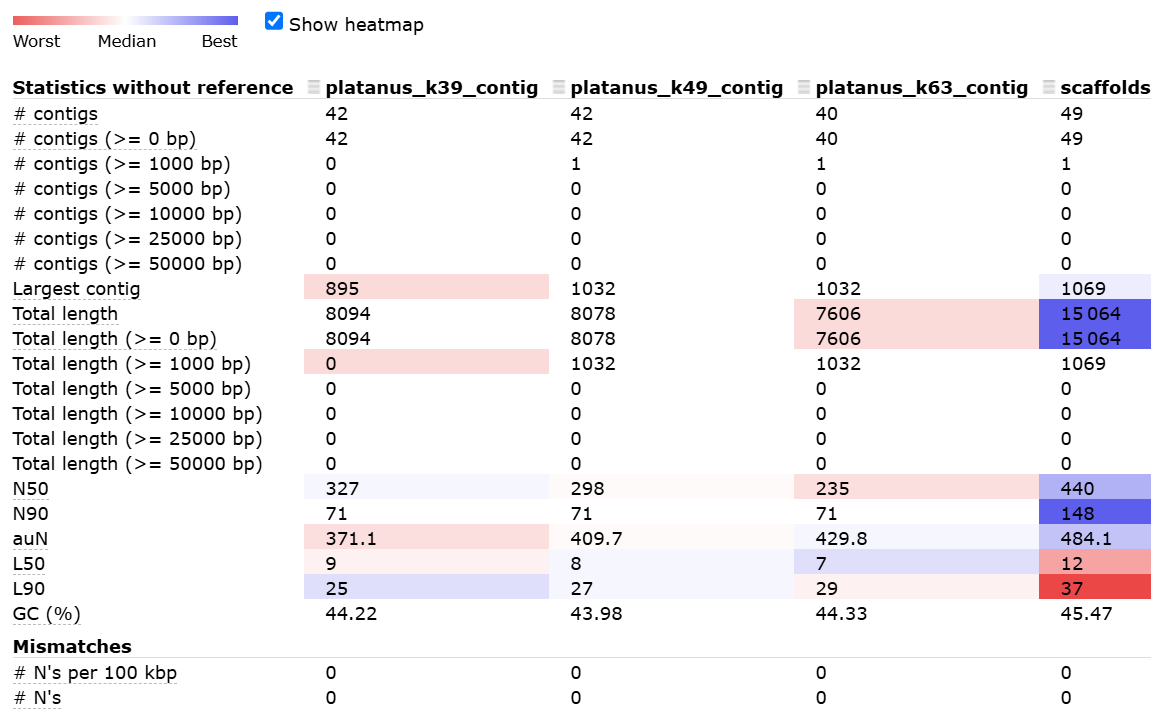
Сборки генома на семинаре:



Лучше всего справился SPAdes. Попробуем улучшить его сборку, задав дополнительные параметры:

*python3 /projects/mipt\_dbmp\_biotechnology/soft/SPAdes-4.1.0-Linux/bin/spades.py --careful* ***-k 21,33,55,77,99,111***

*-1 /projects/mipt\_dbmp\_biotechnology/genome\_de\_novo/7\_S4\_L001\_R1\_001.fastq*

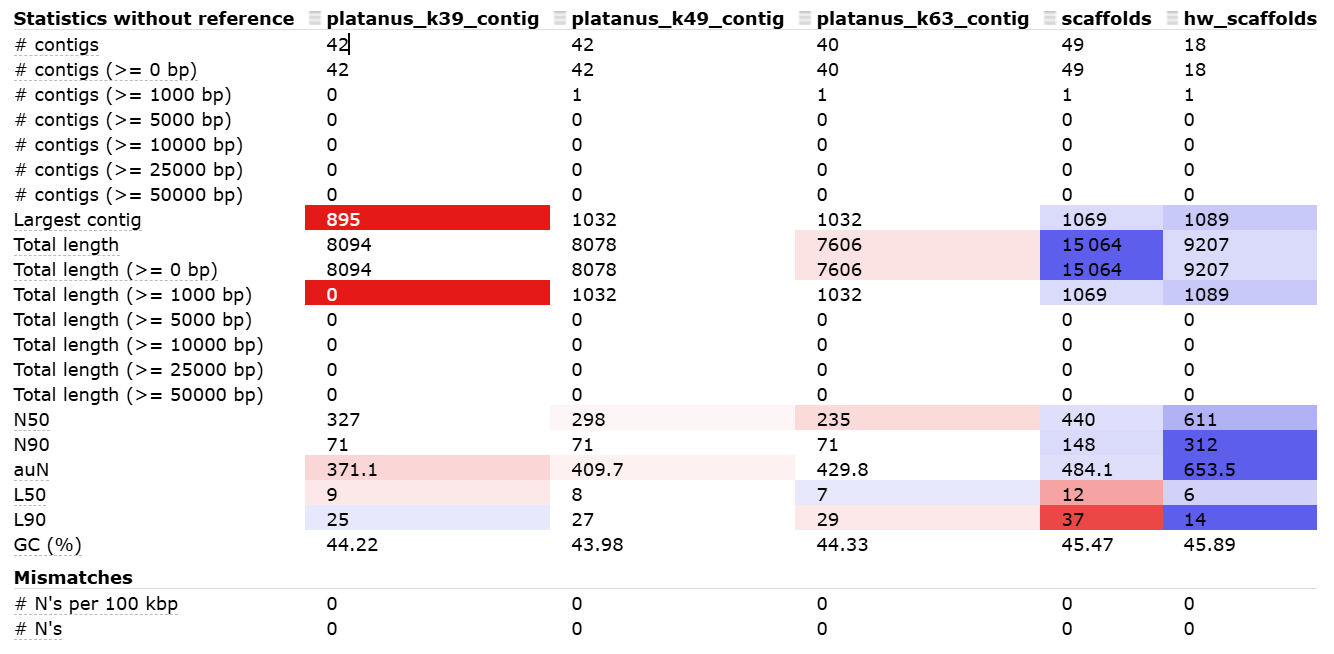
*-2 /projects/mipt\_dbmp\_biotechnology/genome\_de\_novo/7\_S4\_L001\_R2\_001.fastq*

*-o ~/homeworks/hw\_11/genome\_assembly\_results/spades*

Вручную ввели используемые k-меры (раньше они подбирались автоматически). Программа использует их в процессе сборки, комбинируя информацию из разных k-меров для улучшения итогового результата.

Проверим качество такой сборки:

*~/soft/bin/quast.py -o ~/homeworks/hw\_11/assembly\_analysis -m 0 --threads 1 ~/classes/class\_11/genome\_assembly\_results/k39/platanus\_k39\_contig.fa ~/classes/class\_11/genome\_assembly\_results/k49/platanus\_k49\_contig.fa ~/classes/class\_11/genome\_assembly\_results/k63/platanus\_k63\_contig.fa ~/classes/class\_11/genome\_assembly\_results/spades/scaffolds.fasta ~/homeworks/hw\_11/genome\_assembly\_results/spades/hw\_scaffolds.fasta*

**

Длина сборки уменьшилась, зато сильно повысилось качество и исчезли красные значения. Мы молодцы!