

# **Praktika z bioinformatiky**

## **Samostatné analýzy**

### **Sekvenace**

Podívejte se do složky runIllumina. Nacházejí se zde čtení z jednoho sekvenačního běhu. Identifikujte počet sekvenovaných genomů a sekvenovanou sekvenci. Na jaké platformě proběhla sekvenace? Čtení namapujte ke správné referenci. Na základě analýzy namapovaného souboru popište jednotlivé genomy. K jakým změnám oproti referenci dochází? Liší se nějak významně počty čtení u souborů, či jejich kvalita? Své závěry řádně zdůvodněte a podpořte grafy, tabulkami případně jinou statistikou.