

**МОЛБА
ЗА ОДОБРАВАЊЕ ТЕМЕ МАСТЕР РАДА**

Молим да ми се одобри израда мастер рада под насловом:

„Развој методе за детектовање промена броја копија у геномским секвенцама“

Значај теме и области:

Секвенцирање је технологија којом се утврђује распоред нуклеотида у ДНК и РНК секвенцама. Постоје два приступа секвенцирању на основу тога колико је ћелија укључено у сам процес: секвенцирање генетског материјала скупине ћелија и секвенцирање генетског материјала само једне ћелије. Анализа генетских података добијених секвенцирањем једне ћелије омогућава разумевање функционисања једне ћелије у контексту њене микрооколине. Једна од предности таквог приступа ћелији јесте могућност примене на изучавање канцерогенезе и субклоналних популација канцера, као и на испитивања одговора ћелије на стресне услове.

Здраве ћелије имају предефинисану гарнитуру хромозома – хаплоидне ћелије имају једну копију сваког хромозма, а диплоидне ћелије две копије сваког хромозома. Један од одговора ћелије на промену услова којима је изложена јесте промена у броју копија неких делова ДНК. Један од највећих изазова при раду са подацима добијеним из секвенцирања једне ћелије јесте детектовање промена броја копија.

Специфични циљ рада:

У раду је приказан развој методе за детекцију броја копија за најновију технологију секвенцирања једне ћелије – баркодирање генома. Ова технологија је још увек у развоју и тренутно не постоје рачунарски алати за обраду података добијених на овај начин, а алати који се користе у другим технологијама секвенцирања овде нису применљиви. Резултати оваквог секвенцирања су упарена читавања представљена у *.fastq* датотекама, који су уједно и улазни подаци ове методе. Резултати методе су представљени у виду *.bam* и *.bed* датотека који садрже реконструисане инсерте, затим визуелизацију детектоване промене броја копија и статистике које ту визуелну детекцију боље описују и имају улогу контроле квалитета.

Остале битне информације:

Подаци коришћени за развој методе добијени су из девет различитих узорака ћелија пекарског квасца и јавно су доступни. Узорци су секвенцирани таргетирано, што значи да су коришћени само делови генома из горе наведених девет ћелија. За развој методе коришћени су стандардни биоинформатички алати за визуелизацију (*IGV*), алати за рад са стандардним биоинформатичким форматима датотека (*samtools* за рад са *.sam* и *.bam* датотекама), а сама метода је развијана у програмском језику *Python*.

Надежда Богдановић, 1093/2018, И Сагласан ментор др Јована Ковачевић
(име и презиме студ., бр. инд., ознака програма и модула)

(својеручни потпис студента)

(својеручни потпис ментора)

11.09.2020

(датум подношења молбе)

Чланови комисије

1. др Невена Вељковић, ИНН Винча

2. _____ др Саша Малков

Катедра _____ је сагласна са предложеном темом.

(шеф катедре)

(датум одобравања молбе)