

**МОЛБА  
ЗА ОДОБРАВАЊЕ ТЕМЕ МАСТЕР РАДА**

Молим да ми се одобри израда мастер рада под насловом:

Нова метода за асемблирање генома на основу *PFG* електрофорезе

**Значај теме и области:**

Асемблирање (склапање) ДНК секвенци представља неопходан корак за даљу рачунарску анализу генома. Секвенцери су уређаји који читају редослед база у секвенцама нуклеинских киселина и записују их као ниске карактера. Како секвенцери читају кратке секвенце ДНК, приликом њиховог састављања у дуже контиге (непрекидне ниске карактера) могу се појавити празнине, услед немогућности проналажења тачне позиције на коју би се нова контига надовезала. Даље уређење контига засновано је на поравнавању секвенци са референтним геномом. Овакав приступ асемблирању производи грешке у редоследу контига, у зависности од различитости референтног генома и генома који се асемблира. Референтни геном је ниска која представља репрезентативну ДНК секвенцу врсте датог организма. Развијена метода користи референтни геном као помоћно средство, док је асемблирање највећим делом засновано на величинама фрагмената добијеним помоћу *PFG* електрофорезе (*eng. PFGE, Pulsed-field Gel Electrophoresis*), који јединствено одређују ДНК секвенцу која се асемблира. *PFG* електрофореза је техника којом се ДНК сече рестрикционим ензимом на одговарајућим позицијама и одваја исечени фрагмент. Електрично поље променљивог правца омогућава да се фрагменти удаљавају од почетног положаја и на основу те удаљености одређује се њихова величина, изражена у килобазама.

**Специфични циљ рада:**

У раду ће бити изложена нова метода за асемблирање генома на основу улазног материјала добијеног *PFG* електрофорезом, уз помоћ референтног генома. До сада, материјал добијен *PFG* електрофорезом се није користио за асемблирање, већ за идентификовање и поређење секвенци ДНК на основу броја и величина фрагмената добијених сечењем ДНК одговарајућим рестрикционим ензимима. Метода која ће бити развијена треба да омогући да се овај материјал искористи за асемблирање комплетних секвенци (са или без празнина) слагањем контига у правилном редоследу. На прецизност методе која треба да буде развијена утичу величине и број фрагмената и контига, као и дозвољено одступање од задатих величина фрагмената добијених *PFG* електрофорезом. Како се до сада време потребно за асемблирање мануелном методом мерило месецима и често завршавало неуспехом (у зависности од величине материјала), додатни циљ методе која треба да буде развијена је да обезбеди да се иста операција на рачунару одвија у реалном времену. При томе, потребно је да резултати не буду мање прецизни, док је врло пожељно да буду и значајно прецизнији. Један од циљева метода који треба да се развије је да његова примена буде могућа и без коришћења референтног генома.

**Остале битне информације:**

Као један од тест примера при развоју методе користиће се геном вируса Lambda Phage као и материјал Института за молекуларну генетику и генетичко инжењерство. Сама метода ће бити развијана и делом према њиховим потребама.

**Литература:**

- 1) R. Eklom and J. B. W. Wolf: A field guide to whole-genome sequencing, assembly and annotation, *Evol Appl.* 2014 Nov; 7(9): 1026–1042.
- 2) M. Burmeister: *Pulsed-Field Gel Electrophoresis: Protocols, Methods and Theories*, Springer 1992.

Александар Вељковић, 1090/2014, Информатика  
(име и презиме студ., бр. инд., ознака програма и модула)

Сагласан ментор Ненад Митић

\_\_\_\_\_  
(својеручни потпис студента)

\_\_\_\_\_  
(својеручни потпис ментора)

\_\_\_\_\_03.06.2016.\_\_\_\_\_  
(датум подношења молбе)

Чланови комисије

1. \_\_Саша Малков\_\_\_\_\_  
\_\_\_\_\_

2. \_\_Милош Бељански (ИОФХ)\_\_\_\_\_  
\_\_\_\_\_

Катедра за Рачунарство и информатику је сагласна са предложеном темом.

\_\_\_\_\_  
(шеф катедре)

\_\_\_\_\_  
(датум одобравања молбе)