

**Отзыв научного руководителя на курсовую работу
«Исследование задачи поиска генов в метагеномных сборках de novo»
студентки 445 группы Екатерины Андреевны Соса**

Данная работа посвящена исследованию различных методов предсказания генов и оценке их производительности. Задача предсказания генов является крайне актуальной современной научной проблемой, поскольку именно аннотация геномных последовательностей открывает ключ к их качественной интерпретации. Существующие методы решения этой задачи предназначены, в основном, для анализа полностью собранных геномных последовательностей. Однако, представляет интерес способность существующих инструментов работать с не до конца собранными геномами, в том числе с метагеномными сборками, содержащими фрагменты геномов различных организмов.

Разработано программное обеспечение для оценки производительности методов предсказания генов. Получена детальная оценка производительности существующих методов на реальных данных, содержащих полностью собранные геномы, single- и multi-cell сборки, а также метагеном.

Полученные результаты имеют важное практическое применение. В частности, эти данные были использованы при разработке инструмента QUASt, предназначенного для оценивания геномныхборок.

Также был предложен метод разделения геномов организмов, входящих в метагеномную сборку. Работоспособность метода была проверена экспериментально, изложены возможные пути дальнейшего совершенствования метода.

Курсовая работа Екатерины Андреевны Соса заслуживает оценки «отлично».

Научный руководитель Минкин Илья Валериевич