

# Web интерфейс для биоинформатических программ

Студент:  
Руководитель:

Степачёв Максим  
Алексей Гуревич

- Разобраться с Quast
- Попробовать добавить просты гистограммы
- Добавить в веб-версию график выравнивания контигов на референс

Данные для гистограмм:

Statistics without reference	SPAdes-2.4	IDBA-UD	Velvet-SC	E+V-SC
# contigs	277	250	519	344
Largest contig	269 177	224 018	121 367	132 865
Total length	4 877 521	4 791 744	4 526 656	4 540 286
N50	106 927	96 947	20 445	33 616
<b>Misassemblies</b>				
# misassemblies	2	11	2	2
Misassembled contigs length	26 551	70 953	22 359	23 485
<b>Mismatches</b>				
# mismatches per 100 kbp	5.27	3.85	1.75	2.14
# indels per 100 kbp	0.79	0.27	0.94	0.73
# N's per 100 kbp	4.860	0	0	0
<b>Genome statistics</b>				
Genome fraction (%)	95.622	94.721	91.249	91.488
Duplication ratio	1.004	1.001	1.002	1.001
# genes	4047 + 98 part	4021 + 70 part	3626 + 277 part	3759 + 152 part
# operons	809 + 48 part	802 + 37 part	650 + 155 part	722 + 84 part
NGA50	110 539	96 947	19 791	32 051

