

Temos pavadinimas

Genominis ortomiksovirusų atlasas

Title of the topic

Genomic Atlas of Orthomyxoviruses

Aprašymas:

Ortomiksovirusai apima nemažai patogeninių narių, tokių kaip gripo ir daugelio nariuotakojų pernešamų virusų. Dėl segmentuotų RNR genomų ortomiksovirusų genominiai segmentai beveik visada viešoms duomenų bazėms yra perduodami kaip nepilni genomai. Tai kelia didelių iššūkių lyginamajai genomikai, genų anotacijai ir patikimam paviršiaus baltymų, kuriuos šie virusai naudoja patekdami į šeimininko ląsteles, identifikavimui.

Laimei, dauguma šiuolaikinių tyrimų savo neapdorotus sekoskaitos duomenis taip pat pateikia į tokias duombazes kaip NCBI Sequence Read Archive (SRA). Vykdydama(s) doktorantūros projektą, kandidatė(-as) kurs ir taikys kompiuterinius metodus, integruojančius sekų paiešką, lyginamąją genomiką, baltymų savybių prognozavimą ir evoliucinę analizę, siekiant surinkti, kuruoti ir sisteminti viešus ortomiksovirusų sekų duomenis į „Genominį ortomiksovirusų atlasą“.

Pretendentai turėtų turėti tvirtą kompiuterinį pagrindą ir gerai mokėti bent vieną aukšto lygio programavimo kalbą (pvz., Python ar R). Ankstesnė patirtis filogenetikos srityje, kompiuterinių duomenų apdorojimo srautų (angl. pipeline) kūrimas ir žinios apie RNR virusus būtų reikšmingas privalumas. Sėkmingas kandidatė(-as) pasinaudos naujausiais baltymų struktūrų prognozavimo pasiekimais, siekdama(s) identifikuoti ir atlikti gilią ortomiksovirusų „tamsiosios medžiagos“ filogenetinę analizę, ir turės galimybę iš esmės pakeisti mūsų supratimą apie šią RNR virusų šeimą.

Abstract:

Orthomyxoviruses include a number of pathogenic members such as influenza and many arthropod-borne viruses. Due to having segmented RNA genomes, orthomyxovirus genomic segments are almost invariably deposited as incomplete genomes on public databases. This poses major challenges for comparative genomics, gene annotation, and the reliable identification of surface proteins that are used by these viruses for entering host cells.

Fortunately, most modern studies make their raw sequencing data available on services like NCBI's Sequence Read Archive (SRA). As part of their PhD project, the candidate will develop and apply computational approaches that will integrate sequence mining, comparative genomics, protein feature prediction, and evolutionary analysis to collate, curate and systematise public sequence data across orthomyxoviruses into a „Genomic Atlas of Orthomyxoviridae“.

Applicants should have a strong computational background and know at least one scripting language (e.g. Python or R) well. Prior experience with phylogenetics, writing computational pipelines, and familiarity with RNA viruses would each be a substantial benefit. The successful candidate will leverage recent advances in protein structure prediction for identification and deep phylogenetic analyses of orthomyxoviral „dark matter“ and will have an opportunity to revolutionise our understanding of this RNA virus family.

Mokslinis vadovas / supervisor: Gytis Dudas