

# Assembling and analyzing Kenyan Trypanosome field isolate genomes

Bioinformatics Master's Thesis

We are looking for a master's student to assemble metagenomes from nanopore-sequenced Kenyan field samples of the unicellular parasite *Trypanosoma brucei*.

Our collaborators collected several blood samples of trypanosome-infected cows in Kenya's countryside. Trypanosomes are the causative agent of sleeping sickness in humans and nagana in cattle. Within their mammalian host, they stay in the bloodstream and are transmitted via bites of the tsetse fly to new hosts. As a lab, we have been studying many aspects of Trypanosome biology via cell-culture-adapted cells and are aiming to extend our scope to real infections. Hence, we generated ultralong Oxford Nanopore DNA sequencing reads from the Kenyan blood samples.

You will assemble those DNA reads into genomes and analyze them thoroughly. As we expect many samples to be a mixture of different species and strains, you will be using metagenome assemblers: tools specifically built to untangle mixed DNA samples into several genomes. We have already tested several metagenome assemblers to help you get going quickly and to know what genome quality to expect. Once the genomes are assembled, you will spend most of your time analyzing the genomes: comparing them to the genome of lab-adapted strains, comparing the different samples to each other, and performing a deep dive into several aspects of trypanosome biology that we are interested in.

## What you will be doing

- Quality controlling our data
- Assembling metagenomes of trypanosome field isolates
- Analyzing the metagenomes

## Requirements

- Proficient in data interpretation
- Linux or ChatGPT skills to run bioinformatic tools and analyses
- Independence and curiosity

## What we offer

- A pleasant, supportive, and very international environment
- An interesting project that is at the cutting edge of trypanosome research
- A unique scientific niche

**Location:** Siegel Lab ([www.vetmed.lmu.de/molpara](http://www.vetmed.lmu.de/molpara)), Biomedical Center of the LMU (in Martinsried)

**How to Apply:** Contact [markus.schmidt@lmu.de](mailto:markus.schmidt@lmu.de). Applications will be reviewed on a rolling basis

# Assemblierung und Analyse kenianischer Trypanosom-Feldisolat-Genome

Bioinformatik Masterarbeit

Wir suchen eine Masterstudentin / einen Masterstudenten zur Assemblierung von Metagenomen aus Nanopore-sequenzierten kenianischen Feldproben des einzelligen Parasiten *Trypanosoma brucei*.

Unsere Kollaboratoren haben mehrere Blutproben von mit Trypanosomen infizierten Rindern im ländlichen Kenia gesammelt. Trypanosome erregen afrikanische Schlafkrankheit beim Menschen sowie Nagana bei Rindern. Im Säugetierwirt befinden sie sich im Blutkreislauf und werden durch den Stich der Tsetsefliege auf neue Wirte übertragen. In unserem Labor untersuchen wir bereits viele Aspekte der Trypanosombiologie anhand an Zellkultur angepasster Zellen und möchten unseren Fokus nun auf echte Infektionen ausweiten. Deshalb haben wir Oxford-Nanopore-DNA-Sequenzierungsdaten aus den kenianischen Blutproben erzeugt.

Sie werden diese DNA-Reads zu Genomen assemblieren und umfassend analysieren. Da wir davon ausgehen, dass viele Proben Mischungen verschiedener Arten sind, werden Sie Metagenom-Assembler verwenden: Werkzeuge, die speziell dafür entwickelt wurden, gemischte DNA-Proben in mehrere Genome zu entwirren. Wir haben bereits mehrere Metagenom-Assembler getestet, damit Sie schnell einsteigen können und wissen, welche Genomqualität zu erwarten ist. Sobald die Genome assembliert sind, werden Sie den Großteil Ihrer Zeit mit deren Analyse verbringen: Sie vergleichen die Genome mit laborangepassten Zellen, vergleichen die verschiedenen Proben untereinander und führen detaillierte Analysen zu mehreren Aspekten der Trypanosombiologie durch, die uns besonders interessieren.

## Ihre Aufgaben

- Qualitätskontrolle unserer Daten
- Assemblierung von Metagenomen aus Trypanosom-Feldisolaten
- Analyse der Metagenome

## Voraussetzungen

- Sehr gute Fähigkeiten in der Dateninterpretation
- Linux- oder ChatGPT-Kenntnisse zur Nutzung bioinformatischer Tools
- Selbstständigkeit und Neugier

## Wir bieten

- Ein angenehmes, unterstützendes und sehr internationales Umfeld
- Ein spannendes Projekt an der Spitze der aktuellen Trypanosomforschung
- Eine einzigartige wissenschaftliche Nische

**Arbeitsort:** Siegel Lab ([www.vetmed.lmu.de/molpara](http://www.vetmed.lmu.de/molpara)), Biomedizinisches Centrum der LMU (Martinsried)

**Bewerbung:** Kontaktieren Sie [markus.schmidt@lmu.de](mailto:markus.schmidt@lmu.de). Bewerbungen werden fortlaufend geprüft.