

Задача из биоинформатики

Постановка задачи: по набору строк определить длину наименьшей строки, содержащий все строки набора в качестве подстрок.

Пример: для набора $[abba, aca, bac, aa]$ одной из наименьших общих надстрок будет *abbacaa*.

Реализация:

1. Приближенное решение алгоритмом Блюма-Янга-Ли-Тромпа-Яннакакиса.

<https://habr.com/ru/post/201656/>

2. Точное решение.

Сведение к задаче коммивояжера. (Не готово)

Оформление:

1. Представление кода в виде *github* репозитория.

2. Разбиение кода на модули, понятное наименование переменных, функции и классы именуются в стиле *CamelCase*, переменные - *snake_case*.

3. Использование автоматической системы сборки.

Пример *Make* и *CMake*.

4. Написание тестов: $++google - test$ или *catch*.

Пример <https://github.com/Avi2011class/AdvancedContainers>.

5. Использование систем непрерывной интеграции (*CI*).

Пример <https://travis-ci.org/> или *github actions*.