**Биоинформатика ДЗ 3. Якутина Светлана Александровна 22215.**

**Ссылка на прочтения:** [**https://trace.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/?view=run\_browser&acc=SRR32912200&display=metadata**](https://trace.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/?view=run_browser&acc=SRR32912200&display=metadata)

**Скрипт:** mapping.sh

**Результат команды samtools flagstat:** flagstat.txt

**Инструкция по развертыванию и установке фреймворка:**

**Установка на Ubuntu**

1. **Проверка установленного make:** make --version

Если вывод содержит строку вроде GNU Make X.X, значит make уже установлен.

1. **Если make не установлен:**  
   Установить через пакетный менеджер: sudo apt update, sudo apt install make
2. **Проверить работоспособность:**  
   Создайте простой Makefile:

hello:

echo "Hello world!"

Запустите: make

**Минимальная структура проекта:**

project/

├── Makefile

├── data/

│ └── <входные файлы: FASTQ, reference>

├── results/

│ └── <выходные файлы: SAM, BAM и т.д.>

└── scripts/

└── <bash-скрипты обработки>

**Результат работы фреймворка и логи:** log.txt

**DAG граф:** pipeline.png

**Отличия DAG-графа от блок-схемы алгоритма**

| **Критерий** | **DAG от Makefile** | **Блок-схема алгоритма** |
| --- | --- | --- |
| **Назначение** | Отображение зависимостей между файлами и шагами пайплайна | Отображение логики выполнения программы |
| **Узлы** | Файлы/цели Makefile | Операции, условия, циклы и т.п. |
| **Структура** | Граф без циклов (ориентированный) | Последовательная/разветвлённая логическая схема |
| **Используется для** | Анализа, отладки и построения пайплайнов | Проектирования и анализа алгоритмов |
| **Автоматическая генерация** | Да, возможна с make2graph, graphviz | Обычно рисуется вручную |