

Abstrakt

I přes aktivní vývoj v posledních letech čtení genomu organismů stále patří mezi těžké problémy. S dostupnými technologiemi nejsme schopni přechít zadaný genom jako celek. Obvyklý postup spočívá v jeho rozbití na velké množství malých částí, které dokážeme jednotlivě přechít. Následuje bolestivý proces jejich opětovného skládání do podoby výsledného genomu.

Tato práce prezentuje algoritmus pro skládání genomu založený na principu de Bruijnových grafů a porovnává jeho výsledky s již existujícími řešeními. Algoritmus se zaměřuje na krátké úseky genomu a využívá znalosti referenční sekvence.