

FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I  
RAČUNARSTVA

BIOINFORMATIKA

---

# Određivanje poravnanja parova sljedova korištenjem HMM

---

*Autori*

Tomislav Božurić  
Martin Pisačić  
Krešimir Topolovec

*Zadatak*

doc. dr. sc. Mirjana  
Domazet-Lošo

Siječanj, 2019



- 1 Opis algoritma i vizualizacija**
- 2 Analiza točnosti, vremena izvođenja i utroška memorije**
- 3 Testiranje**
  - 3.1 Testiranje na sintetskim podacima**
  - 3.2 Testiranje na stvarnim podacima**

## References

- [1] Byung-Jun Yoon. *Hidden Markov Models and their Applications in Biological Sequence Analysis*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2766791>, US National Library of Medicine, National Institutes of Health, 2009.
- [2] Jun Xie. *Pairwise alignment using HMM*. <http://www.stat.purdue.edu/~junxie/topic4.pdf>, Purdue University.