SVEUČILIŠTE U ZAGREBU

**FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA**

**Bioinformatika 1**

**High-speed and high-ratio referential genome compression algorithm**

*Katarina Mišura, Marko Marfat*

Voditelj: *Mirjana Domazet-Lošo*

Zagreb, svibanj, 2022.

**Sadržaj**

[Uvod 1](#_Toc104160650)

[1. Koraci algoritma 2](#_Toc104160651)

[1.1. Pretprocesiranje 2](#_Toc104160652)

[1.2. Pohlepno podudaranje pomoću *hash* tablice 2](#_Toc104160653)

[1.3. Postprocesiranje 4](#_Toc104160654)

[1.4. Dekompresija 5](#_Toc104160655)

[2. Rezultati testiranja 7](#_Toc104160656)

[Zaključak 9](#_Toc104160657)

[Literatura 10](#_Toc104160658)

# Uvod

U ovome će se projektu, iz predmeta Bioinformatika 1, implementirati algoritam za kompresiju genoma. Puni naziv algoritma je „High-speed and high-ratio referential genome compression“ ili „HiRGC“, a cilj mu je uvesti poboljšane performanse u odnosu na već dostupne algoritme za kompresiju genoma [1].

Motivacija za uvođenje ovakvog algoritma je sve veći broj sekvenciranih genoma koji zahtijevaju velike količine memorijskog prostora za pohranu. Neke od tradicionalnih metoda kompresije poput „gzip-a“ (<http://www.gzip.org/>) i „bzip2-a“ (<http://www.bzip.org>) nisu dovoljno učinkovite u kompresiji genomskih podataka. Razlog tomu je što ovakve metode ne iskorištavaju intrinzična svojstva DNA sekvenci poput male abecede, čestih ponavljanja i palindroma. Preferirani pristup je kompresija bez gubitaka temeljena na pohranjivanju razlike između ciljnog genoma i referentnog genoma. Upravo to je pristup na kojemu se zasniva ovaj algoritam.

# Koraci algoritma

Pri pokretanju program kao argumente prima imena referentnog i ciljnog genoma zapisanih u FASTA dokumente. Nakon provjere točnosti unesenih argumenata može se započeti daljnji proces. Cijeli algoritam možemo podijeliti u četiri cjeline: pretprocesiranje, pohlepno podudaranje pomoću *hash* tablice, postprocesiranje i dekompresija. Svaka cjelina je opisana u nastavku uz pripadajući primjer.

## **Pretprocesiranje**

Pretprocesiranje je proces pripreme sekvenci referentnog i ciljnog genoma za daljnje uspoređivanje i kompresiju. Cilj pretprocesiranja je izdvojiti znakove A,C,G i T iz sekvenci ciljnog i referentnog FASTA dokumenta. Prilikom uklanjanja preostalih znakova iz ciljne sekvence, potrebno je sačuvati poziciju intervala tih znakova i duljinu intervala. Pri obradi referentne sekvence, potrebno je ukloniti preostale znakove, ali nije potrebno sačuvati informacije o njihovoj poziciji. Očuvane pomoćne informacije o znakovima koji se ne nalaze u skupu znakova A,C,G,T bit će potrebne kasnije pri dekompresiji i ponovnom sastavljanju cjelokupne ciljne sekvence. Pretprocesiranje možemo podijeliti u tri dijela. Prvi dio je procesiranje ciljne sekvence, drugi dio je procesiranje referentne sekvence, a treći dio je spremanje pomoćnih informacija o ciljnoj sekvenci u dokument.

Primjer ciljnog genoma:

>syn

AmgTTolpNNCcgOtannNgd\n

zzAaacctNNAAglopwMNNeCCT\n

Primjer referentnog genoma:

>syn

KFLtLFpptttNhjtatatTAnd\n

akFCRTTTmnNnacHETnftcga\n

Funkcija *target\_preprocess()* kao argument prima niz znakova *file\_name* koji predstavlja ime FASTA dokumenta iz kojeg učitavamo ciljnu sekvencu. Funkcija započinje čitanjem redaka iz dokumenta i izdvajanjem prvog retka u kojem se nalaze informacije o sekvenci u niz znakova *id\_tg*. Ostali redci se čitaju jedan po jedan i spremaju se u niz znakova *t\_seq\_L*, a duljina svakog retka se sprema u vektor brojeva *t\_seq\_len*. Nakon svakog spremljenog retka, u niz znakova *t\_seq\_L* dodaje se znak desna zagrada „)“ koji čuva mjesto za znak prelaska u novi red. Time se rezervira pozicija za prelazak u novi red i omogućava konzistentno računanje pozicija znakova u nizu i kasniju obradu u dekompresiji. Nakon učitavanja svih redaka iz dokumenta u niz znakova zatvara se pristup dokumentu.

Nakon učitavanja redaka niz znakova je:

AmgTTolpNNCcgOtannNgd)zzAaacctNNAAglopwMNNeCCT)

Dužine svakog retka su:

21, 24

Prvo se pretražuju sva mala slova u sekvenci, sprema se pozicija prvog pronađenog malog slova u intervalu i duljina intervala. Svi znakovi koji su slova se pretvore u velika slova i prepisuju u novi niz znakova *t\_seq\_L1* .

Nakon obrade malih slova novi niz znakova je:

AMGTTOLPNNCCGOTANNNGD)ZZAAACCTNNAAGLOPWMNNECCT)

Pozicije malih slova koja su prva u intervalima:

1, 5, 11, 14, 19, 25, 34, 42

Duljine intervala malih slova:

2, 3, 2, 4, 5, 5, 5, 1

Nastavlja se pretraga i spremanje pozicije prvog pronađenog znaka N i duljina intervala.

Pozicije znaka N koji je prvi u intervalu:

8, 16, 30, 40,

Duljine intervala znakova N:

2, 3, 2, 2

Posljednji prolaz kroz sekvencu sprema pozicije prvog pronađenog znaka koji nije A,C,G,T ili N sprema sve znakove u intervalu i duljinu tog intervala. Prepisivanjem znakova A,C,G,T u novi niz znakova *t\_seq\_L3* dobije se konačna sekvenca.

Nakon obrade novi niz znakova je:

AGTTCCGTAGAAACCTAAGCCT

Pozicije prvog znaka u intervalu:

1, 5, 13, 20, 35, 42, 46

Interval znakova:

M, OLP, O, D)ZZ, LOPWM, E, )

Radi lakše usporedbe i uštede memorije, nad sekvencom se vrši enkodiranje znakova prema pravilu: znak A se zamjenjuje znakom 0, znak C znakom 1, znak G znakom 2 i znak T znakom 3. Konačna sekvenca koja se koristi za daljnju usporedbu nalazi se u nizu znakova *t\_final*.

Enkodirani niz znakova:

0233112302000113002113

Funkcija *reference\_preprocess()* kao argument prima niz znakova *file\_name* koji predstavlja ime FASTA dokumenta iz kojeg učitavamo referentnu sekvencu. Izdvojimo prvi redak s informacijama o referentnoj sekvenci, a ostale retke spremimo u niz znakova *r\_seq\_L*.

Nakon učitavanja redaka niz znakova je:

KFLtLFpptttNhjtatatTAndakFCRTTTmnNnacHETnftcga

Dužine svakog retka su:

23, 23

Vrši se pretvorba znakova u velike znakove i prepisivanje u novi niz znakova *r\_seq\_L1*.

Nakon pretvorbe malih u velika slova, novi niz znakova je:

KFLTLFPPTTTNHJTATATTANDALFCRTTTMNNNACHETNFTCGA

Potrebno je ukloniti sve znakove koji nisu A,C,G ili T, stoga se samo ti znakovi prepisuju u novi niz znakova *r\_seq\_L3*.

Nakon obrade novi niz znakova je:

TTTTTATATTAACTTTACTTCGA

Konačno se vrši enkodiranje prema istom pravilu za enkodiranje ciljne sekvence. Konačna sekvenca koja se koristi u daljnjoj usporedbi spremljena je u niz znakova *r\_final*.

Enkodirani niz znakova:

33333030330013330133120

Funkcija *saveDataToFile()* kao argument prima pokazivač na izlazni tok datoteke *&myfile*, a služi za spremanje dodatnih informacija o ciljnoj sekvenci. U dokument prvo se upisuje dužina cijele sekvence prije uklanjanja znakova. Zatim se upisuje dužina intervala malih znakova i njihova duljina. Vrijednosti za pozicije početka intervala se ne unose dirketno iz vektora s pozicijama, nego se vrši izračun radi uštede memorije. Izračun se vrši tako da se od pozicije koja treba biti unesena oduzme suma. Zatim se u dokument unesu razlika i duljina intervala. Nakon unosa suma se računa tako da se zbroji razlika koja se unosi u dokument za trenutnu poziciju i dužina intervala. Prije početka računanja suma se postavlja na 0.

Suma = 0

Razlika= pozicija – suma;

Unos razlike i duljine intervala.

Suma = trenutna suma + razlika + duljina intervala

Zatim se u sljedeći red upisuje dužina intervala znakova N i njihova duljina. Pri upisu informacija za znak N slijedi se isto pravilo računanja kao kod upisa malih znakova. Par interval i njegova duljina međusobno su odvojeni razmakom. Parovi međusobno su također odvojeni razmakom. Posljednje se upisuje dužina intervala znakova koji nisu A,C,G,T ili N i svi znakovi u intervalu. Par pozicija prvog znaka u intervalu i pripadajući znakovi koji čine interval odvojeni su znakom „-“, a parovi su odvojeni razmakom.

Prikaz upisa svih informacija:

47

1 2 2 3 3 2 1 4 1 5 1 5 4 5 3 1

8 2 6 3 11 2 8 2

1-M 5-OLP 13-O 20-D)ZZ 35-LOPWM 42-E 46-)

## **Pohlepno podudaranje pomoću *hash* tablice**

Nakon pretprocesiranja znakovi A, C, G i T poprimaju sljedeće vrijednosti:

Sljedeći je korak pohraniti takav niz cijelih brojeva veličine 2 • k bitova u strukturu n-torki. Te n-torke se računaju na sljedeći način:

gdje predstavlja niz cijelih brojeva (), a gdje

(n - k + 1) predstavlja broj preklapajućih n-torki. Sada je, pomoću ove konstrukcije, moguće inicijalizirati *hash* tablicu pomoću koje će se kasnije provoditi *greedy matching* algoritam. Ta tablica se inicijalizira na sljedeći način [1]:

1: za i = 1 do (nr - k + 1):

2: izračunaj // za referentnu sekvencu

3: osvježi vrijednosti u *hash* tablici

loc(i) = point( mod s), point( mod s) = i

4: kraj

Nakon što je na ovaj način generirana *hash* tablica, potrebno je implementirati i sam *greedy matching* algoritam. Cilj ovog algoritma je pronaći mjesta na kojima se poklapaju ciljna i referentna sekvenca. Način na koji to radi je taj da prvo računa i njenu odgovarajuću *hash* vrijednost, ali ovoga puta za ciljnu sekvencu. Zatim provjerava postoji li takva n-torka igdje u referentnoj sekvenci. S obzirom na to da *hash* tablica ne garantira da ako dvije n-torke imaju jednake *hash* vrijednosti da će biti identične mi zapravo gledamo „koševe“ (engl. *bucket*) unutar kojih se nalazi nekoliko potencijalnih kandidata (ili niti jedan). U slučaju da u košu ne postoji niti jedan kandidat, n-torka iz ciljne sekvence se ne poklapa s referentnom sekvencom te algoritam zatim prelazi na (i+1) n-torku. U drugom slučaju, ako postoje kandidati, algoritam pregledava poklapaju li se brojevi iz ciljne i referentne sekvence. Algoritam radi tu provjeru dok god se poklapaju brojevi te tako povećava najduži poklapajući niz. U slučaju kada algoritam naiđe na dva jednako duga poklapajuća niza, on uzima onaj koji je prvi. Svaki takav niz se zapisuje u datoteku u obliku (pozicija poklapanja, duljina poklapanja). Nizovi koji nemaju poklapanje zapisuju se u datoteku u svom originalnom obliku. Taj proces se može opisati sljedećim pseudokodom [1]:

1: postavi i = 0 i p = 0

2: dok i > (nt - k + 1):

3: izračunaj

4: postavi j = point( mod s), pmax = -1 i lmax = 0

5: dok j ≠ 0:

6: postavi l = 0

7: uvjet1 = (j + l) < len(t) // t-target

8: uvjet2 = (j + l) < len(r) // r-reference

9: uvjet3 = r(j + 1) = t(i + l)

10: dok (uvjet1 i uvjet2 i uvjet3):

11: l = l + 1

12: završi dok

13: ako (l >= k i l > lmax):

14: pmax = j, lmax=l

15: završi ako

16: osvježi j = loc[j]

17: ako (lmax > 0):

18: podniz t(p,....,i-1) je nepoklapajuć

19: (pmax, lmax) je zapis poklapajućeg niza

20: osvježi p = i + lmax

21: završi ako

22: osvježi i = i + lmax + 1

23: završi dok

24: preostali niz je nepoklapajuć

Primjenom ovog algoritma na primjeru ispod postižemo sljedeći rezultat:

r = 0032302230103002021

t = 003210223012130020022

Rezultat = [(1, 4), 1, (6, 6), 21, (14, 5), 0, (7, 2)]

## **Postprocesiranje**

Nakon primjene *greedy matching* algoritma i pohranjivanja rezultata u datoteku (uz ostale informacije) tu datoteku je potrebno i na neki način kompresirati. U radu se spominju tri pristupa: delta enkodiranje, *run length encoding* i PPMd kompresija. S obzirom na to da autori nisu primijenili delta enkodiranje [2] ono neće biti primijenjeno ni u našem radu. PPMd je način kompresije te je dostupan u programu 7zip (<https://www.7-zip.org/>) i on će se koristiti, ali se neće dodatno implementirati već će se koristiti gotova implementacija iz 7zip programa. Prije same kompresije još je potrebno provesti *run length encoding*. To je kodiranje koje nastoji smanjiti količinu ponovljene informacije, a njegov rad se najbolje može opisati na primjeru.

Recimo da imamo sljedeći niz:

5 5 5 5 5 5 4 4 4 4 5 5 5 5 2

Umjesto da se zapisuju svi znakovi (njih 15, ako se ne broje razmaci) oni se efikasnije mogu zapisati na sljedeći način:

5-6 4-4 5-4 2

Prvi broj predstavlja znak, a broj nakon crtice predstavlja broj ponavljanja tog znaka. Ovaj zapis sada sadrži svega 10 znakova što je poboljšanje od 33%. Autori su u svome radu odlučili primijeniti ovo kodiranje samo na završetke redaka što se može ilustrirati sljedećim primjerom.

aaaaaaa\n

aaaaaaa\n

aaaaaaa\n

aaaaaaa\n

aaaaaaa\n

aaaaaaaaa\n

Umjesto da se pohranjuju svi znakovi koji označavaju sljedeći redak (\n), radije će biti zapisani u sljedećem formatu:

8 5 10 1

Prvi broj predstavlja mjesto znaka novog retka, a drugi broj predstavlja koliko redova nakon ima jednako mjesto novog retka. Na ovako malom primjeru ne vidi se velika prednost ovakvog zapisa, ali je ona itekako prisutna u slučajevima s puno redaka.

## **Dekompresija**

Dekompresija je proces koji iz kompresirane datoteke i referentnog genoma rekonstruira ciljni genom potpuno jednak originalnoj FASTA datoteci. Svi ranije opisani algoritmi su reverzibilni (PPMd, *run length encoding*, *greedy matching*, pretprocesiranje), što uvelike olakšava proces dekompresije. Potrebno je pratiti obratni slijed koraka kako bi se dobila originalna sekvenca ciljnog genoma u završnoj FASTA datoteci. Program kao argumente prima referenti genom i kompresiranu datoteku koja se dobije provedbom prva tri koraka algoritma.

Prvo je potrebno dekompresirati zadanu datoteku koja je 7z formata. Nakon dekompresije dobije se FASTA datoteka koja sadrži informacije o ciljanom genomu. Zatim je potrebno izdvojiti sekvencu referentnog genoma iz FASTA datoteke kao u postupku pretprocesiranja. Sljedeći korak je čitanje informacija iz datoteke s informacijama o ciljanom genomu. Budući da su sve informacije zapisane na najkraći mogući način radi uštede memorije, potrebno je izračunati originalne informacije. Nad informacijama o završetku redaka nije potrebno provoditi obratno enkodiranje jer se informacije u trenutnom obliku mogu iskoristiti pri upisu podataka u završnu datoteku. Potrebno je provesti računanje za podatke o pozicijama početaka intervala malih znakova i znakova N. Računanje se provodi tako da se sumi, koja je na početku 0, dodaje trenutna suma i pozicija. Nakon izračuna suma se upisuje u vektor s pozicijama jer je dobivena suma stvarna pozicija u sekvenci. Nakon unosa trenutnoj sumi se nadodaje duljina intervala koji započinje na toj poziciji.

Suma = 0

Suma = trenutna suma + pozicija

Unos sume u vektor s pozicijama

Suma = trenutna suma + duljina intervala

Niz koji nema poklapanja je potrebno dekodirati prema pravilu: znak 0 se zamjenjuje znakom A, znak 1 znakom C, znak 2 znakom G i znak 3 znakom T.

Nakon učitavanja i pripreme svih podataka potrebno je upisati sve podatke u završnu datoteku na njihovo mjesto. U ovom postupku nam pomaže spremljena vrijednost duljine originalne ciljane sekvence jer niz znakova koji ćemo popunjavati sa znakovima prvo moramo popuniti sa znakovima „-“ kako bi mogli postaviti određeni znak na bilo koju poziciju u nizu, a ne popunjavati niz od početka do kraja. Zatim u niz upisujemo ostale znakove, a nakon njih znak N. Nakon toga prolazimo kroz poklapanja i referentni niz te ne poklapanja i unosimo ih u niz. Potrebno je unijeti znakove za završetak redaka. Konačno potrebno je određena znakove pretvoriti u male znakove pomoću informacija o poziciji i intervalima malih znakova. Nakon svih upisa jedan niz znakova sadrži cijelu originalnu ciljnu sekvencu. U završni dokument potrebno je upisati informacije o sekvenci i samu sekvencu. Upisom sekvence završavamo postupak dekompresije i kao rezultat u završnom FASTA dokumentu imamo ciljni genom jednak originalnom genomu.

# Rezultati testiranja

Preostalo je provesti testiranje naše implementacije i usporediti rezultate s originalnom implementacijom. Testiranje se provodi u virtualnom okruženju na Ubuntu operativnom sustavu s 3 GB RAM memorije. Zbog ovoga ograničenja bilo je potrebno prilagoditi maksimalnu veličinu *hash* tablice s 1 << 30 na 1 << 20, odnosno veličina *hash* tablice je smanjena s 4 GB na 4 MB. To ne igra ulogu u primjerima koji su se ovdje testirali. Prvi skup primjera koji se testirao su sintetski generirani podaci pomoću *python* bilježnice dostupne u repozitoriju projekta. Generirane su različite sekvence veličina od 103 sve do veličine 107. Drugi skup primjera uključivao je sekvencu bakterije *Escherichia coli*, točnije sljedeće dvije sekvence ([referentna sekvenca](http://bacteria.ensembl.org/Escherichia_coli_gca_003194125/Info/Index) i [ciljna sekvenca](http://bacteria.ensembl.org/Escherichia_coli_str_k_12_substr_mg1655_gca_000005845/Info/Index)). Rezultati su ostvareni tako što se svaki program pokrenuo 5 puta za svaki primjer te se uzela prosječna vrijednost tih 5 pokretanja. U nastavku su prikazani rezultati testiranja (nažalost, za primjere 106 i 107 originalna implementacija vraća *segmentation fault*; međutim, veličina genoma bakterije E-coli je ~9.5 milijuna što je točno na granici 106 i 107 pa to može poslužiti kao usporedba između implementacija) :

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Duljina sekvence | Vrijeme kompresije (ms) (naša implementacija) | Vrijeme kompresije (ms) (originalna implementacija) | Vrijeme dekompresije (ms) (naša implementacija) | Vrijeme dekompresije (ms) (originalna implementacija) | Veličina nakon kompresije (kB) (naša implementacija) | Veličina nakon kompresije (kB) (originalna implementacija) |
| 300 | 7.9114 | 7.9938 | 7.1904 | 5.1584 | 0.304 | 0.321 |
| 3000 | 8.4224 | 8.5328 | 7.9286 | 5.8628 | 1.511 | 1.253 |
| 30000 | 18.7852 | 18.903 | 21.9018 | 16.2914 | 12.763 | 9.677 |
| 300000 | 72.9728 | 95.7856 | 121.8048 | 72.3948 | 125.273 | 89.789 |
| 600 | 7.7298 | 7.7478 | 7.502 | 5.3824 | 0.433 | 0.424 |
| 6000 | 9.06 | 8.4782 | 9.5186 | 6.2274 | 2.7 | 2.181 |
| 60000 | 28.8628 | 25.0906 | 36.5192 | 21.424 | 25.474 | 19.06 |
| 600000 | 162.973 | 168.354 | 198.7546 | 103.7524 | 247.318 | 174.463 |
| 3000000 | 966.5432 | SEG\_FAULT | 879.88 | SEG\_FAULT | 1197.671 | SEG\_FAULT |
| 30000000 | 800074.2534 | SEG\_FAULT | 8039.407 | SEG\_FAULT | 11429.277 | SEG\_FAULT |
|  |  | |  | |  | |
| **Razlika** | ≈7.63% brža | | ≈73.84% sporija | | ≈39.91% veće datoteke | |

Tablica 1 Rezultati testiranja na sintetičkim podacima

Nakon provedenih testova na sintetičkim podacima dobiveni su sljedeći rezultati:

* Naša implementacija kompresije je **≈7.63% brža** od originalne implementacije
  + Ovo nas je pomalo iznenadilo, ali razlika nije tako značajna da bi bila neuvjerljiva.
* Naša implementacije dekompresije je **≈73.84% sporija** od originalne implementacije
  + Razlog je malo „nespretna“ rekonstrukcija sekvence koja se oslanja na popunjavanje stringa znakovima '-' te se onda na mjesta tih znakova naknadno dodaju informacije iz kompresirane datoteke.
* Naša implementacija ima **≈39.91% veće datoteke** od originalne implementacije
  + Ovo uvelike ovisi o načinu spremanja *auxilliary* podataka što ovisi o implementaciji. Mi smo zadovoljni s našim rezultatom, a i također je u okviru dopuštenog prekoračenja.

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | Vrijeme kompresije (ms) (naša implementacija) | Vrijeme kompresije (ms) (originalna implementacija) | Vrijeme dekompresije (ms) (naša implementacija) | Vrijeme dekompresije (ms) (originalna implementacija) | Veličina nakon kompresije (kB) (naša implementacija) | Veličina nakon kompresije (kB) (originalna implementacija) |
|  | 3503.0516 | 3516.0648 | 781.1466 | 527.1134 | 1271.98 | 889.867 |
|  |  | |  | |  | |
| **Razlika** | ≈0.37% brža | | ≈48.19% sporija | | ≈42.94% veća datoteka | |

Tablica 2 Rezultati testiranja na sekvenci bakterije Escherichia coli

Nakon provedenih testova na sekvenci bakterije *Escherichia coli* dobiveni su sljedeći rezultati:

* Naša implementacija kompresije je **≈0.37% brža** od originalne implementacije
  + Zanemariva razlika.
* Naša implementacije dekompresije je **≈48.19% sporija** od originalne implementacije
  + U skladu sa sintetičkim podacima, doduše malo bolji rezultat.
* Naša implementacija ima **≈42.94% veće datoteke** od originalne implementacije
  + U skladu sa sintetičkim podacima.

Sva mjerenja su dostupna u datoteci *comparison* koja se nalazi u repozitoriju.

Izmjereno korištenje **RAM** memorije bilo je u rasponu od **85-93 Mb** za obje implementacije prilikom pokretanja programa za bakteriju *E-coli*.

# Zaključak

Sekvenciranje genoma vrlo je uzbudljivo i zanimljivo područje u današnjoj znanosti. Međutim, jedan od glavnih problema sekvenciranja je potreba za velikim memorijskim prostorom za pohranjivanje podataka. Prosječan ljudski genom ima otprilike 3 GB što ga čini podosta velikim, te pohranjivanje velikog broja takvih genoma jednostavno nije održivo. Na svu sreću, ljudski genomi su >99% slični i upravo tu činjenicu iskorištava algoritam koji se implementirao u ovome projektu. Algoritam *HiRGC* funkcionira tako da pohrani samo jednu referentnu sekvencu, te pomoću nje rekonstruira bilo koju drugu sličnu sekvencu, a pritom koristi trunku prostora koju bi koristile dvije ili više sekvenci. S obzirom na relativni novitet u području bioinformatike, ovaj projekt se ispostavio dosta zahtjevnim, ali smo na kraju uspjeli postići zadovoljavajući rezultat. Naravno, nismo postigli jednake performanse kao i autori originalnog rada, ali to je bilo i za očekivati. Zadovoljni smo postignutim rezultatima kao i stečenim znanjem.

# Literatura

[1] Liu, Y., Peng, H., Wong, L., Li, J. (2017). *High-speed and high-ratio referential genome compression*. Bioinformatics Vol. 33 Iss 21 pp. 3364-3372. Poveznica: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx412>; pristupljeno 11. svibnja 2022.

[2] Čeple, K. (2020). *Referential genome compression.* Fakultet elektrotehnike i računarstva. pristupljeno 11. svibnja 2022.