

Algoritmos para Análise de Sequências Biológicas

Enunciado do Projeto

Objetivo

- Construir um package para a manipulação de sequências
- Escrever os testes automáticos para o código
- Utilizar *type hinting* para aumentar a documentação do código
- Utilizar medidas de engenharia de software para descobrir as zonas do código mais complexas
- Produzir e gerar a documentação do projeto

Elaboração

Descrição

- Package de manipulação de sequências
- Criação de sequências
- Leitura de ficheiro em vários formatos
- Alinhamentos simples e múltiplos
- Blast
- Procuras de padrões utilizando expressões regulares
- Motifs determinísticos e estocásticos

Equipa

- Grupos de 3 elementos

Avaliação

Legibilidade

- Medidas de engenharia de software para reduzir a complexidade do código
- Coisas sobre code quality a ler e talvez utilizar
- Talvez o pylama?
- *Type hinting* para aumentar a legibilidade

Documentação

- Sugere-se utilizar o Doxygen ou o Sphinx para criar a documentação
- Será avaliada a utilidade da documentação e a sua cobertura

Tests automáticos ao código

- Será utilizada a framework de **unit testing** do Python Serão avaliadas:
 - ▶ Qualidade dos testes
 - ▶ Cobertura do código

Exemplo de documentação em Doxygen

```
"""@package docstring
Documentation for this module.

More details.
"""

def func():
    """Documentation for a function.

    More details.
    """
    pass

class PyClass:
    """Documentation for a class."""
    def __init__(self):
        """The constructor."""
        self._memVar = 0;
    def PyMethod(self):
        """Documentation for a method."""
        pass
```