

# 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
- Manual de utilização
- Documentação do projeto

# Elaboração

## Descrição

- Package de manipulação de sequências
- Deve conter algoritmos sobre sequências estudados nas aulas

## Equipa

- Grupos de 4 elementos

## Entrega

14 de Janeiro de 2022

# Avaliação

## Funcionalidades: 40% da nota

- Sequências
- Alinhamentos globais e locais
- Blast
- Alinhamentos múltiplos
- Filogenia
- Motifs determinísticos e estocásticos

## Documentação: 20% da nota

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

## Legibilidade: 20% da nota

- Complexidade do código
- Ler sobre code quality
- Utilizar o pylama para ajudar a melhorar a escrita do código
- Type hints para aumentar a legibilidade

## Tests automáticos ao código: 20% da nota

- 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
```