SVEUČILIŠTE U ZAGREBU FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

DOKUMENTACIJA

Poboljšanje djelomično sastavljenog genoma dugim očitanjima

Bruno Kovač, Tonko Sabolčec, Fabijan Čorak Voditelj: doc. dr. sc. Krešimir Križanović

SADRŽAJ

1.	Uvod	1
2.	Postupak	2
	2.1. Izgradnja grafa	2
	2.2. Vizualizacija	2
	2.3. Obilazak grafa	2
3.	Rezultati	3
4.	Zaključak	4
5.	Literatura	5
6.	Sažetak	6

1. Uvod

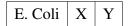
Sekvenciranje genoma svodi se na kombiniranje očitanja u jednu cjelinu. Ovaj rad pretpostavlja da su očitanja već sastavljena, ali djelomično - u fragmente. Jedan takav fragment naziva se *contig*. Dakle, zadatak se svodi na što bolje povezivanje *contiga*, što smo učinili oslanjanjem na duga očitanja, kao što je predloženo u [?].

2. Postupak

- 2.1. Izgradnja grafa
- 2.2. Vizualizacija
- 2.3. Obilazak grafa

3. Rezultati

Implementacija je ispitana na tom tom i tom



4. Zaključak

Zaključak.

5. Literatura

[1] Heng Li. Minimap2: pairwise alignment for nucleotide sequences. *Bioinformatics*, 34(18):3094–3100, 05 2018. ISSN 1367-4803. doi: 10.1093/bioinformatics/bty191. URL https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty191.

6. Sažetak

Sažetak.