

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

Zagreb, siječanj 2020.

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 očitavanja u jednu cjelinu. Ovaj rad pretpostavlja da su očitavanja 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 očitavanja, 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

E. Coli	X	Y
---------	---	---

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.