

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

DOKUMENTACIJA

**Poboljšanje djelomično
sastavljenog genoma dugim
očitanjima**

Bruno Kovač, Tonko Sabolčec, Fabijan Čorak

Voditelj: Krešimir Križanović

Zagreb, siječanj 2020.

SADRŽAJ

1. Uvod	1
2. Rezultati	2
3. Zaključak	3
4. Literatura	4
5. Sažetak	5

1. Uvod

Sekvenciranje genoma svodi se na kombiniranje očitavanja u jednu cjelinu. Naš rad pretpostavlja da su očitavanja djelomično već sastavljena, ali u fragmente. Jedan takav fragment naziva se *contig*. Dakle, naš zadatak svodi se na određivanje točnog redoslijeda *contiga*, što smo učinili oslanjanjem na duga očitavanja, kao što je predloženo u [1]

2. Rezultati

3. Zaključak

Zaključak.

4. Literatura

- [1] Huilong Du i Chengzhi Liang. Assembly of chromosome-scale contigs by efficiently resolving repetitive sequences with long reads. *bioRxiv*, 2018. doi: 10.1101/345983. URL <https://www.biorxiv.org/content/early/2018/06/13/345983>.

5. Sažetak

Sažetak.