PyGFA

Progettazione e sviluppo di una libreria Python per la gestione di file GFA

Diego Lobba

matricola:795702

Università degli studi di Milano-Bicocca
Dipartimento di Informatica Sistemistica e Comunicazione

Relatore: Prof. Gianluca Della Vedova
Correlatore: Marco Previtali

Attività svolte

Motivazioni:

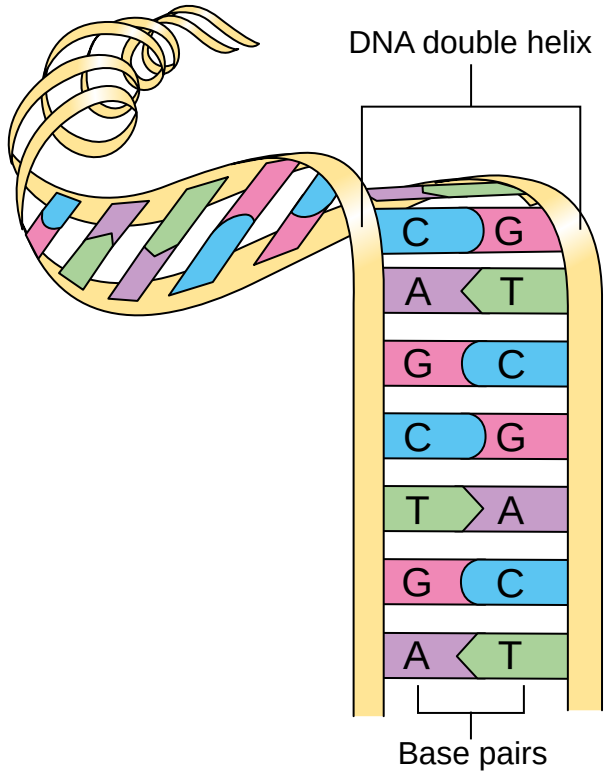
- Offrire una piattaforma semplice
  - da usare
  - da estendere
- Algoritmi per grafi applicati al contesto genomico

Attività:

- Studio delle specifiche GFA
- Implementazione del sistema
- Verifica della correttezza e della qualità
- Benchmark per misurare le performance della libreria

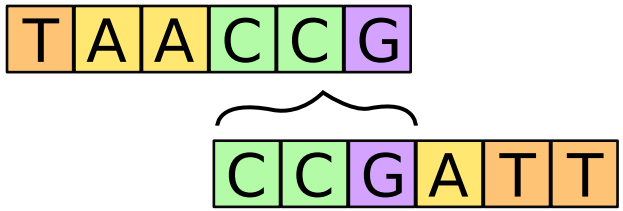
Cos'è il DNA?

- DNA come stringa composta dalle lettere A, C, G, T
- Stringa ottenuta mediante riassemblaggio di sequenze più piccole ottenute da metodi NGS (Next Generation Sequencing)
- Rappresentare le informazioni di sequenziamento è un problema

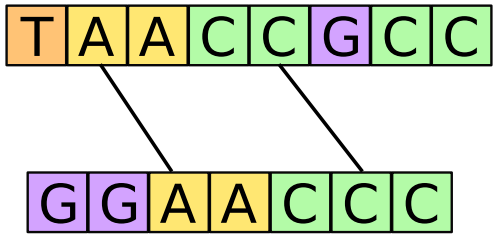


I file GFA

- Due specifiche
  - GFA1 pensata appositamente per grafi di assemblaggio
  - GFA2 più generica, superset di GFA1
- ogni linea rappresenta un concetto all'interno del grafo



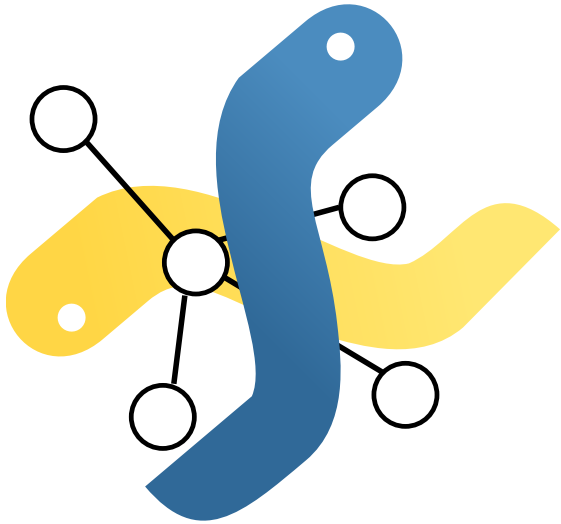
Esempio di sovrapposizione pura



Una generica sovrapposizione

PyGFA

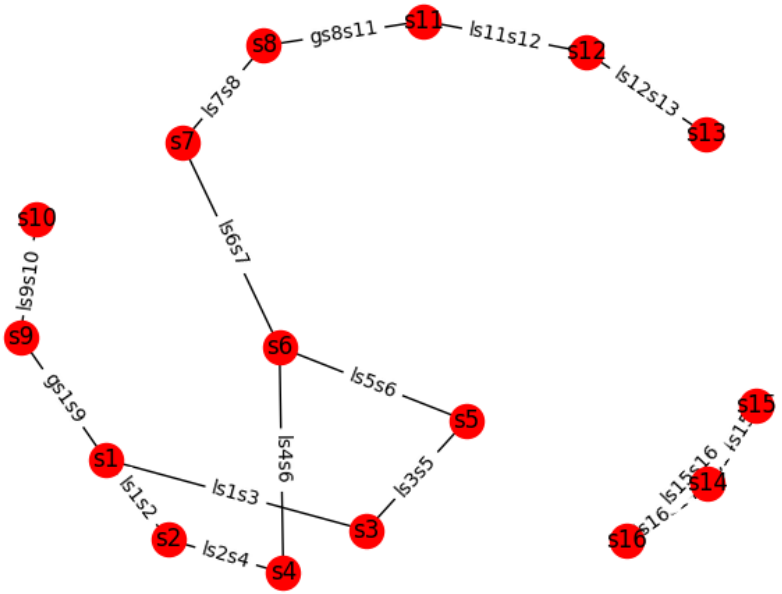
- É una libreria Python
- Gestisce le informazioni contenute nei file GFA
- Usa la classe **Multigrafo** offerta da NetworkX per contenere le informazioni ed eseguire operazioni sul grafo

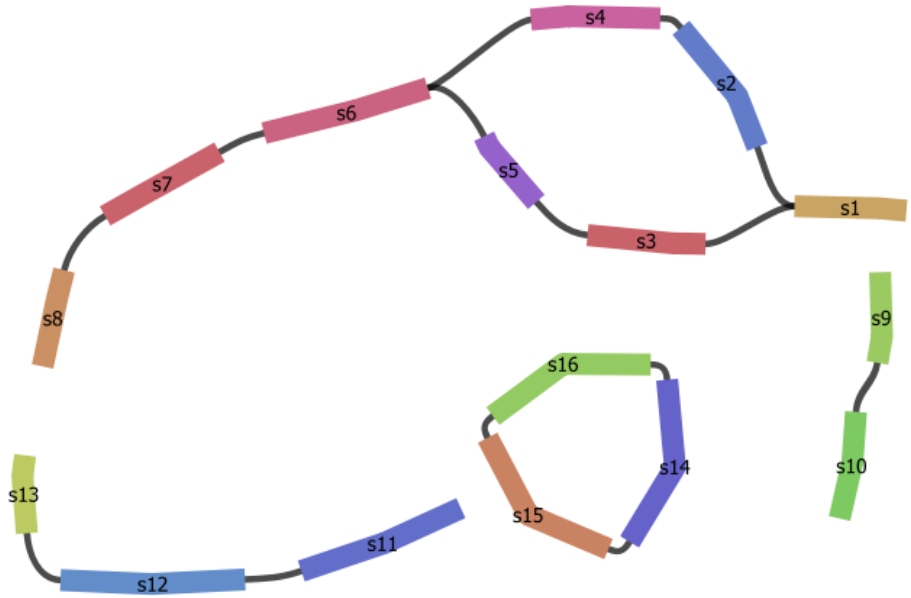


Logo di PyGFA.

Gestione delle informazioni

- da linea su file di testo a dizionario Python degli elementi del grafo
- gestione particolare degli archi di dovetail
- duplice visione del grafo



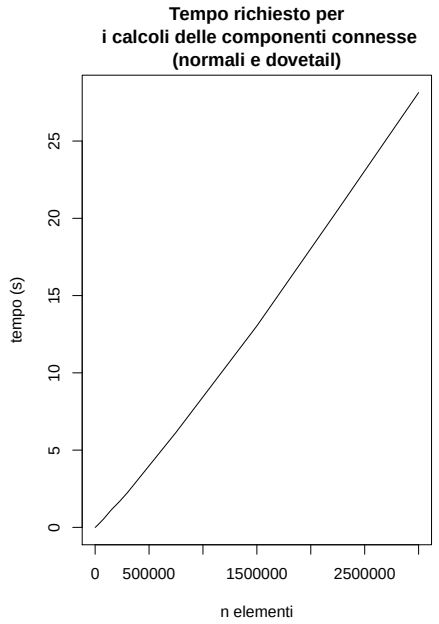


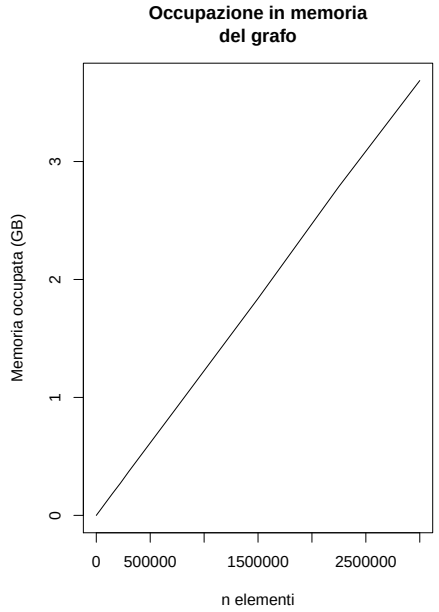
Funzionalità

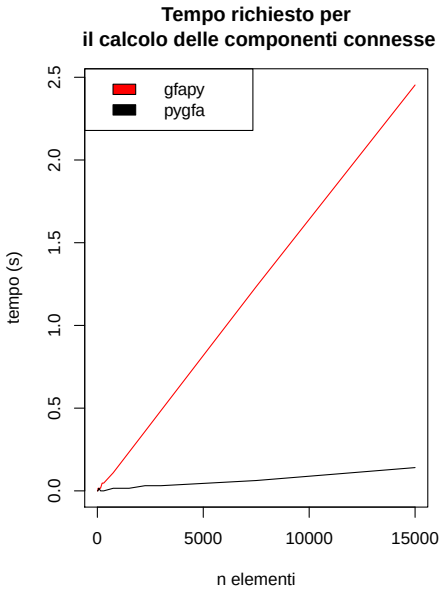
- calcolo delle componenti connesse
- calcolo dei percorsi racchiusi tra due nodi
- salvataggio del grafo in una delle due specifiche
- ricerca degli elementi del grafo utilizzando un comparatore definito dall'utente

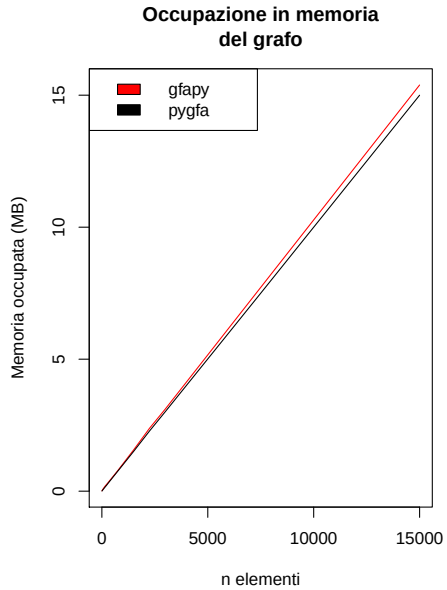
Benchmark

- Due serie di test dove:
  - si è analizzata la scalabilità di PyGFA
  - si è confrontata PyGFA con Gfapy
- PyGFA ha una grossa occupazione in memoria
- A parità di memoria occupata PyGFA è più prestante in termini di tempo









Confronto delle funzionalità

PyGFA:

- visione astratta dei dati
- operazioni su grafo generale
- operazioni sul grafo ottenuto considerando solo sovrapposizioni pure

Gfapy:

- il concetto di linea GFA viene mantenuto
- fornisce operazioni per grafi di assemblaggio più avanzate

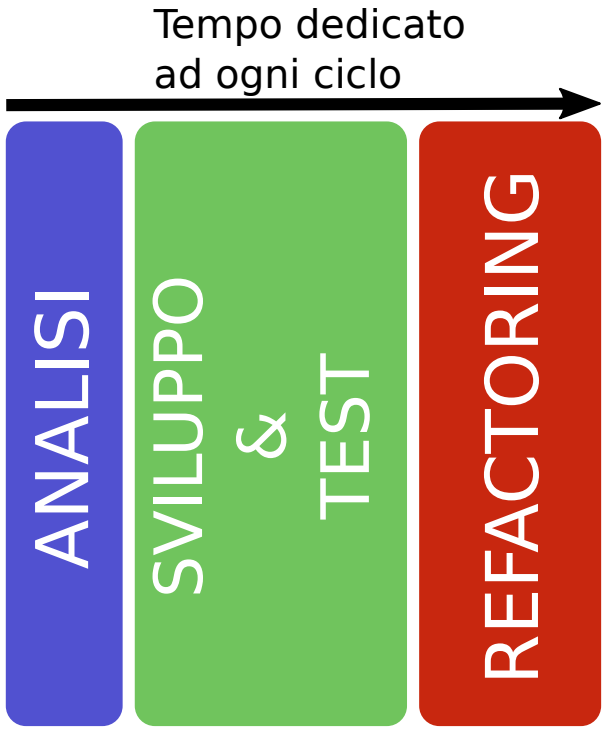
Metodologia e strumenti di aiuto nello sviluppo

Metodologia:

- Extreme Programming
- Sviluppo basato sulle priorità
  - si implementa subito
  - si implementa affiancati dai casi di test

Strumenti usati per lo sviluppo:

- Coverage.py
  - copertura dei casi di test
- Pylint
- Sphinx e Read the Docs
  - documentazione autogenerata
  - output in html con supporto mobile
  - hosting su piattaforma specifica



Conclusioni

- Stato di sviluppo:
  - l'attuale versione è stabile
  - necessità di un refactoring più accurato
  - piattaforma estendibile

Grazie dell'attenzione!