

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

ZAVRŠNI RAD br. 2324

**Orthobalancer: aplikacija za
kreiranje skupova bioloških vrsta
usporedive taksonomijske širine**

Ivan Slijepčević

Zagreb, lipanj 2012.

*Umjesto ove stranice umetnite izvornik Vašeg rada.
Da biste uklonili ovu stranicu obrišite naredbu \izvornik.*

zahvale

SADRŽAJ

Popis slika	v
Popis tablica	vii
1. Uvod	1
2. Teoretski uvod	2
2.1. Homologija proteina	2
3. Podaci	3
3.1. FASTA format	3
3.2. Neredundantna baza	3
3.3. Taksonomsko stablo živog svijeta	3
3.4. Ulaz	3
3.5. Izlaz	3
4. Metode	5
5. Implementacija	6
5.1. Cjevovod	6
5.2. Nalaženje zajedničkih vrsta	11
5.3. server	12
6. Rezultati	15
7. Zaključak	16
Literatura	17

POPIS SLIKA

3.1. Izlazna tablica sa web stranice Orthobanalcera	4
5.1. Protok podataka kroz cjevovod. Prikazuju se podaci rađe nego filtri radi boljeg uvida u rad cjevovoda	7

POPIS ALGORITAMA

1.	Nalaženje najbolje ocijenjenih proteina	10
2.	Obilazak stabla — balansiranje vrsta	13

POPIS TABLICA

1. Uvod

2. Teoretski uvod

ključna uloga proteina

srodnost / evolucija / otkrivanje

2.1. Homologija proteina

Homologija u biološkom smislu predstavlja slične osobine među vrstama na različitim razinama organizacije života, poput organa, tkiva, stnice ili molekule. Homologne osobine uočene među jedinkama različitih vrsta obično upućuju na zajedničke pretke tih vrsta u evoluciji. Međutim, u molekularnoj biologiji termin homolog se često koristi i za naznačavanje sličnosti, bez obzira na genetsko srodstvo [1]

Za homologne sekvence proteina kažemo da su ortologne kad su direktni potomci neke sekvence u zajedničkom pretku, bez da su prošle duplikaciju gena. Drugim riječima, ortologne sekvence se mogu naći u jedinkama različitih vrsta, a obavljaju istu funkciju u svim tim vrstama. Paralogne sekvence su homologne sekvence koje su nastale od dvije različite kopije nekog gena koji je prošao kroz proces duplikacije gena u nekom zajedničkom evolucijskom pretku. Paralozi se mogu naći u jedinkama jedne ili više vrsta te obavljaju slične funkcije.

chart ortho-para

ideja...

3. Podaci

Orthobalancer radi sa primarnim proteinskim strukturama — sekvencama reziduuma, odnosno aminokiselina. Za zapis sekvenci koristi se standardizirani FASTA format. Orthobalancer za svoj rad koristi dvije NCBI-jevih¹ baza podataka od kojih jedna sadrži sekvence formatirane u FASTA format, a druga taksonomsko stablo živog svijeta.

3.1. FASTA format

3.2. Neredundantna baza

3.3. Taksonomsko stablo živog svijeta

3.4. Ulaz

Aplikacija kao ulaz prima nekolicinu paralognih proteina u FASTA formatu. Ako korisnik posjeduje samo sekvencu proteina, može ju zadati bez FASTA zaglavlja, no u tome je slučaju dužan dati ime unesenoj sekvenci. Nužno je imati ime za svaki ulazni paralog te je nužno da su sva međusobno jedinstvena.

Dodatno, korisnik može specificirati čvorove taksonomskog stabla za čija podstabla smatra da sadrže zamjenjive vrste. Ponuđen je i osnovni skup zamjenskih čvorova za koje se vjeruje da bi mogli biti od koristi korisniku.

3.5. Izlaz

Web aplikacija za završetak izvođenja prikazuje tablicu balansiranih vrsta. Stupci tablice su imenovani po paralozima s ulaza. Retci su grupirani u zamjenske čvorove.

¹National Center for Biotechnology Information

Svaki redak predstavlja jedan balansirani skup vrsta. U stupcu pod pojedinim paralogom nalazi se ortologna vrsta, a lijevo od svih vrsta je zapisan čvor na kojem su vrste tog retka balansirane. Primjer tablice se može vidjeti naslici 3.1.

Exchangeable nodes	Balanced node	CAL1	COF1
Mammalia	<i>Ornithorhynchus anatinus</i>	<i>Ornithorhynchus anatinus</i>	<i>Ornithorhynchus anatinus</i>
	<i>Monodelphis domestica</i>	<i>Monodelphis domestica</i>	<i>Monodelphis domestica</i>
	<i>Equus caballus</i>	<i>Equus caballus</i>	<i>Equus caballus</i>
	<i>Canis lupus familiaris</i>	<i>Canis lupus familiaris</i>	<i>Canis lupus familiaris</i>
	<i>Ailuropoda melanoleuca</i>	<i>Ailuropoda melanoleuca</i>	<i>Ailuropoda melanoleuca</i>
	<i>Ovis aries</i>	<i>Ovis aries</i>	<i>Ovis aries</i>
	<i>Bos taurus</i>	<i>Bos taurus</i>	<i>Bos taurus</i>
	<i>Sus scrofa</i>	<i>Sus scrofa</i>	<i>Sus scrofa</i>
	<i>Callithrix jacchus</i>	<i>Callithrix jacchus</i>	<i>Callithrix jacchus</i>
	<i>Macaca fascicularis</i>	<i>Macaca fascicularis</i>	<i>Macaca fascicularis</i>
	<i>Macaca mulatta</i>	<i>Macaca mulatta</i>	<i>Macaca mulatta</i>
	<i>Nomascus leucogenys</i>	<i>Nomascus leucogenys</i>	<i>Nomascus leucogenys</i>
	<i>Pan troglodytes</i>	<i>Pan troglodytes</i>	<i>Pan troglodytes</i>
	<i>Homo sapiens</i>	<i>Homo sapiens</i>	<i>Homo sapiens</i>
	<i>Pongo abelii</i>	<i>Pongo abelii</i>	<i>Pongo abelii</i>
	<i>Primates</i>	<i>Otolemur garnettii</i>	<i>Papio anubis</i>
	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	<i>Oryctolagus cuniculus</i>
	<i>Mus musculus</i>	<i>Mus musculus</i>	<i>Mus musculus</i>
	<i>Rattus norvegicus</i>	<i>Rattus norvegicus</i>	<i>Rattus norvegicus</i>
	<i>Eutheria</i>	<i>Mustela putorius furo</i>	<i>Mus spretus</i>
Sauropsida	<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus</i>
	<i>Taeniopygia guttata</i>	<i>Taeniopygia guttata</i>	<i>Taeniopygia guttata</i>
	<i>Squamata</i>	<i>Anolis carolinensis</i>	<i>Gekko japonicus</i>
Actinopterygii	<i>Salmo salar</i>	<i>Salmo salar</i>	<i>Salmo salar</i>
	<i>Osmerus mordax</i>	<i>Osmerus mordax</i>	<i>Osmerus mordax</i>
	<i>Esox lucius</i>	<i>Esox lucius</i>	<i>Esox lucius</i>
	<i>Epinephelus coioides</i>	<i>Epinephelus coioides</i>	<i>Epinephelus coioides</i>
	<i>Tetraodon nigroviridis</i>	<i>Tetraodon nigroviridis</i>	<i>Tetraodon nigroviridis</i>
	<i>Percomorpha</i>	<i>Sparus aurata</i>	<i>Anoplopoma fimbria</i>
	<i>Danio rerio</i>	<i>Danio rerio</i>	<i>Danio rerio</i>
	<i>Clupeocephala</i>	<i>Ictalurus punctatus</i>	<i>Oncorhynchus mykiss</i>
	Ancestral node	unbalanced	
	<i>Percomorpha</i>	<i>Dicentrarchus labrax</i>	
	<i>Clupeocephala</i>	<i>Ictalurus furcatus</i>	
Amphibia	<i>Xenopus (Silurana) tropicalis</i>	<i>Xenopus (Silurana) tropicalis</i>	<i>Xenopus (Silurana) tropicalis</i>
	<i>Xenopus laevis</i>	<i>Xenopus laevis</i>	<i>Xenopus laevis</i>
unclassifiable homologues		synthetic construct	
		<i>Saccoglossus kowalevskii</i>	
		<i>Trichoplax adhaerens</i>	

Slika 3.1: Izlazna tablica sa web stranice Orthobanalcera

Također, završna stranica sadrži poveznice za preuzimanje generiranih datoteka tijekom izvođenja. Datoteke su opisane u nastavku.

4. Metode

pipeline neki dijagram za pipeline (sequence / activity / state)

tax dio pseudokod

neki sequence dijagram za sve

izlaz

(prebaciti u neki teex file za server) server slike (ulaz, zamjenjivi, izvršavanje, kraj, error)

5. Implementacija

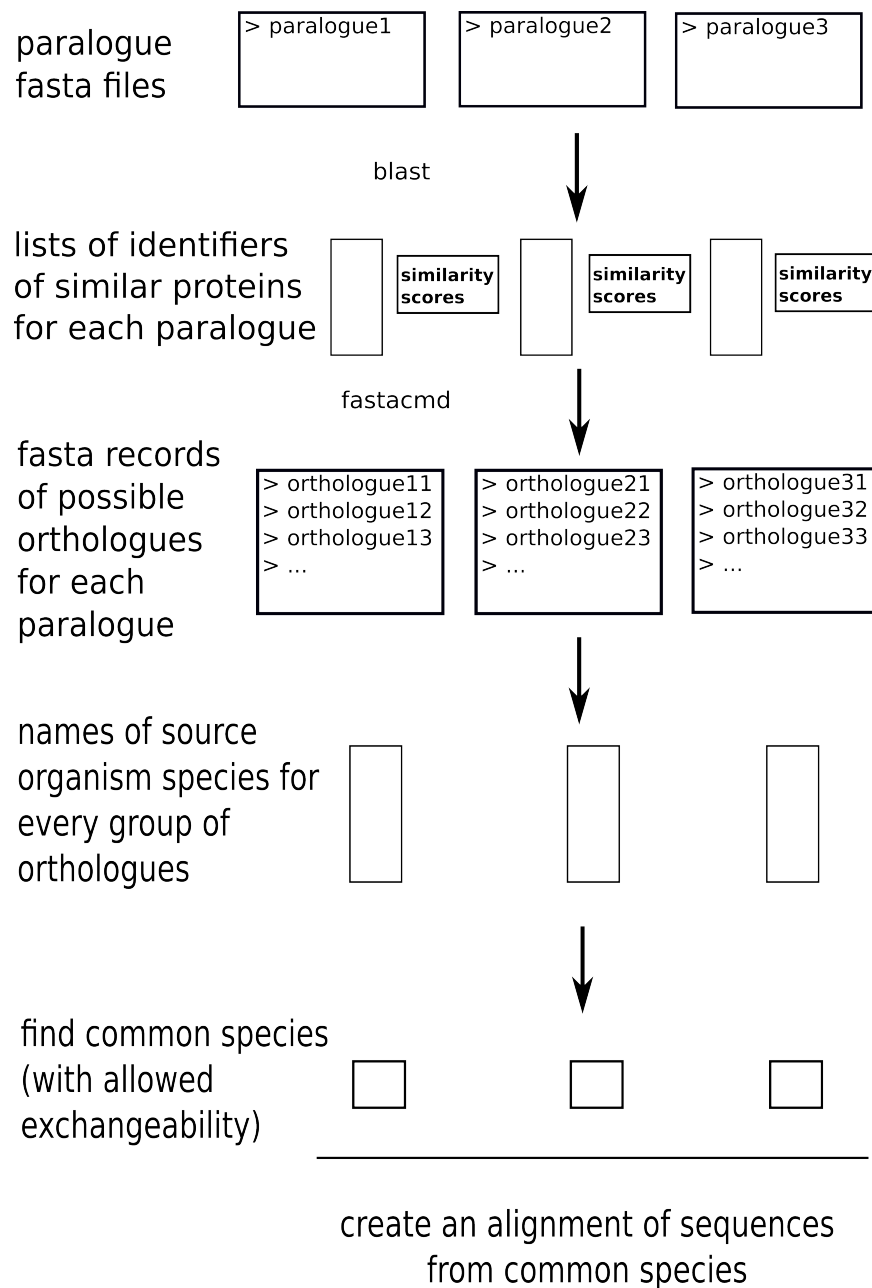
Aplikacija je pisana u programskom jeziku Python verzije 2.7. Aplikacija se dijeli u nekoliko zasebnih cjelina. U središtu aplikacije nalazi se cjevovod koji poziva alate poput BLAST-a i fastacmd-a za komuniciranje sa NCBI-jevom neredundantnom bazom, zatim dio aplikacije za odabir i balansiranje vrsta na taksonomskom stablu te alat mafit za poravnanje sekvenci. Pored cjevovoda implementirana je web aplikacija kao korisničko sučelje za cijeli program. Web aplikacija je implementirana koristeći Flask microframework, dok su operacije na klijentskoj strani implementirane u javascriptu uz korištenje biblioteke jQuery.

5.1. Cjevovod

Cjevovod je arhitektonski programski obrazac u kojem prolaze kroz filtre koji su postavljeni jedan za drugim. Time se simulira jedan tok koji ulazne podatke transformacijom kroz filtre generira izlazne podatke. U ovome projektu cjevovodna arhitektura je samo logički kostur koji se enkapsulira unutar razreda *Pipeline*. Iako je u začetku razvoja aplikacije svaki filter bio zaseban proces, vrlo ubrzo je ustanovljeno kako većina filtera generira podatke koji su potrebni na raznim mjestima u cijeloj aplikaciji te se činilo lakše imati sve podatke u memoriji pojedinog cjevovoda. To je omogućilo da razred *Pipeline* naslijedi razred *Thread* iz modula *threading* te se može pozivati kao zasebna dretva.

Tok cjevovoda se može vidjeti na slici 5.1. Ulaz u cjevovod predstavljaju paralogni proteini u FASTA formatu koje zadaje korisnik. Ti se podaci zadaju pri stvaranju objekta *Pipeline* kako bi se mogli zapisati na disk u direktorij vezan za instancu *Pipeline-a*. Stvarni objekt kojeg prima konstruktor *Pipeline-a* je rječnik prilagođen uporabi servera, što je detaljnije opisano u odjeljku 5.3.

Pri pokretanju cjevovoda za svaku se od unesenih sekvenci stvara objekt razreda *ProteinHolder* prilikom čega se obavljaju pozivi filtera nezavisnih za svaku pojedinu sekvencu. Prvi filter koji se koristi je alat *BLAST* te je izveden kao poziv zasebnog



Slika 5.1: Protok podataka kroz cjevovod. Prikazuju se podaci rađe nego filtri radi boljeg uvida u rad cjevovoda

izvršnog programa *blastall* na sljedeći način:

```
blastall -p blastp -i <ulaz-FASTA> -d <nr-baza> -m 8 -a <broj-dretvi>
```

Argument *p* s parametrom *blastp* označava programu da se koristi algoritam za uspoređivanje jedne ulazne sekvence amino kiselina sa bazom proteinskih sekvenci. S argumentom *i* se zadaje put do ulazne datoteke s FASTA sekvencom. Nadalje, argument *d* prima put na disku do NCBI-jeve neredundantne baze sekvenci koja je prethodno

formatirana za pretraživanje sekvenci u FASTA formatu. Argument *m* određuje format ispisa koji generira *blastall*, a parametar 8 označava tabularni ispis bez dodatnih komentara koji je pogodan za parsiranje. Konačno, argument *a* upućuje *blastall* na broj dretvi koji treba koristiti kako bi se ubrzalo njegovo izvođenje. Broj dretvi se u Orthobalanceru može postaviti prilikom instalacije.

Izlaz koji generira *BLAST* predstavlja informacije o sekvencama sličnim ulaznoj sekvenci, odnosno informacije o potencijalnim ortolozima za ulazni paralog. Svaki redak, između ostalih, sadrži dvije bitne informacije: jedinstveni ključ sekvence u neredundantnoj bazi — gi-broj — te ocjenu sličnosti ulaznome paralogu. Nakon parsiranja tog izlaza ocjene sličnosti se spremaju za kasniju upotrebu, a gi-brojevi se zapisuju u privremenu datoteku za sljedeći korak u cjevovodu.

Sljedeći filter je izvršni program *fastacmd* koji za svaki gi-broj pronalazi i ispisuje sekvencu u FASTA formatu, također koristeći NCBI-jevu neredundantnu bazu. Program se poziva ovako:

```
fastacmd -i <ulaz> -d <nr-baza>
```

Budući da program *fastacmd* dolazi u paketu zajedno sa *BLAST* alatima, argumenti imaju sličnu konotaciju kao i za *blastall*: s argumentom *i* se zadaje ulazna datoteka, a s *d* put do neredundantne baze.

Izlaz *fastacmd*-a se parsira pomoću razreda *FastaRecord*. Svaka dobivena sekvenca kao kandidat za ortologa dobiva instancu razreda *FastaRecord* u kojoj je sadržana sekvenca te sve bitne informacije iz zaglavlja pojedinog FASTA zapisa. Dodatno, instanci *FastaRecord* se pridružuje ocjena sličnosti sekvence koju opisuje prema ulaznom paralogu. Kako bi bilo lakše objasniti što je preuzeto iz zaglavlja pojedinog FASTA zapisa, bitno je imati na umu strukturu neredundantne baze što je objašnjeno u poglavlju 3. Naime, ako je za nekoliko proteina zabilježeno da imaju identičnu sekvencu, tada će zaglavlje takve FASTA sekvence u neredundantnoj bazi sadržavati spojene podatke o navedenim proteinima. Zato objekt razreda *FastaRecord* sadrži listu elemenata zaglavlja, gdje se svaki od tih elemenata opisuje n-torkom (gi-broj elementa, ime vrste, ime proteina, zastavica: najbolja sekvenca za ovaj gi-broj). Iako je poznato da neredundantna baza sadrži sekvence sakupljene iz raznih baza što implicira činjenicu da zaglavlja pojedinih sekvenci ne moraju imati identičan oblik, uočeno je određeno pravilo po kojem *fastacmd* ispisuje sekvence te se ono koristi kao heuristika ugrađena u parser. Pretpostavljeni oblik pojedinog elementa zaglavlja je sljedeći:

```
>gi|"gi-broj"|nebitne-informacije IME PROTEINA  
[IME VRSTE]nebitna-informacija.
```

Na primjer:

```
>gi|344243907|gb|EGW00011.1| Cofilin-1 [Cricetulus griseus]
```

Na kraju obrade podataka za pojedini paralog s ulaza prolazi se listom svih objekata FastaRecord te se za svaku pronađenu vrstu odabire sekvenca s najboljom ocjenom sličnosti. Time nastaje jedan podskup sekvenci za koje možemo reći da predstavljaju grupu ortologa za dani paralog.

Nakon što je svaki paralog opisan jednim objektom razreda *ProteinHolder* potrebno je odrediti postoji li koji gi-broj koji se može pronaći u grupama ortologa različitih paraloga. Donesena je odluka kako to svojstvo nije poželjno jer jedan te isti protein ne želimo imati kao predstavnika neke vrste u različitim grupama ortologa. Za potrebe ove funkcionalnosti dodani su razredi *BestScore* i *BestScoreCollection*. Razred *BestScore* sadrži informaciju koja upućuje u kojoj se grupi ortologa, na kojem FASTA zapisu te sa kojim elementom zaglavlja FASTA zapisa nalazi najbolje ocijenjena sekvenca za dani gi-broj identifikator. Razred *BestScoreCollection* služi kao sučelje za korištenje rječnika najboljih sekvenci, a nudi metode za ažuriranje rječnika kandidata za najbolje sekvence te metodu za dohvat trenutno postavljene najbolje instance razreda *BestScore*. Skica algoritma za pronalazak najbolje ocijenjenih dana je algoritmom 1. Nakon provedbe algoritma nepoželjni proteini imaju spuštenu zastavicu najbolje sekvence za svoj gi-broj te se ne razmatraju u nastavku programa.

Ovdje bi se još mogla dodati funkcionalnost kojom bi se za vrstu kojoj je protein odbačen pronašao sljedeći najbolji nezauzeti protein, no to nije razmatrano jer predstavlja rubni slučaj osnovne funkcionalnosti odbacivanja sekvenci, što je već samo po sebi rubni slučaj i vrlo se rijetko dešava.

Najbitniji korak u cjevovodu je pronalaženje i balansiranje zajedničkih vrsta na stablu taksonomije živog svijeta. Ovaj korak je detaljno opisan u odjeljku . Ovom se filtru kao ulaz predaju kompletni opisnici proteina, odnosno objekti razreda *ProteinHolder* iz kojih sam filter povlači sve potrebne informacije. Nakon što završi obrada, izlaz filtra je predočen višeslojnim rječnikom koji razdvaja podatke po sljedećim slojevima: grupe ortologa, grupe zamjenskih čvorova u taksonomskom stablu, grupe balansiranih čvorova u taksonomskom stablu te su zadnje vrijednosti balansirane vrste.

Zadnji korak u cjevovodu prije zapisivanja svih skupljenih podataka na disk je poravnanje sekvenci dobivenih kao izlaz programa *fastacmd*. Za poravnanje se koristi alat *mafft* te mu je ulaz datoteka sa zapisanim sekvencama u FASTA formatu, a izlaz datoteka sa istim, ali poravnatim sekvencama. *mafft* se poziva na sljedeći način:

```
mafft --auto <ulaz> > <izlaz>
```

Algorithm 1 Nalaženje najbolje ocijenjenih proteina

```
1: function PROTEINHOLDER::IZRAČUNAJNAJOCJENE
2:   ocjene  $\leftarrow$  BestScoreCollection()
3:   for all fastaRecord  $\in$  this.records do
4:     for all element  $\in$  fastaRecord.elementiZaglavlja do
5:       ocjena  $\leftarrow$  BestScore(element)
6:       ocjene.auriraj(ocjena, fastaRecord.ocjena)
7:     end for
8:   end for return ocjene
9: end function
10: function PROTEINHOLDER::PROPAGIRAJ(najOcjene)
11:   for all fastaRecord  $\in$  this.records do
12:     for all element  $\in$  fastaRecord.elementiZaglavlja do
13:       najOcjena  $\leftarrow$  najOcjene.dohvati(element['gid'])
14:       if  $\neg$ najOcjena.provjeriElement(element) then
15:         element['zastavicaNajbolji']  $\leftarrow$   $\perp$ 
16:       end if
17:     end for
18:   end for
19: end function
20: function PRONAĐINAJOCJENE(proteinHolders) ▷ funkcija je isječak iz
   cjevovoda
21:   najOcjene  $\leftarrow$  newBestScoreCollection()
22:   for all protein  $\in$  proteinHolders do
23:     ocjene  $\leftarrow$  protein.izraunajNajOcjene()
24:     najOcjene.aurirajKolekcijom(ocjene)
25:   end for
26:   for all protein  $\in$  proteinHolders do ▷ propagacija najboljih ocjena
27:     protein.propagiraj(najOcjene)
28:   end for
29: end function
```

Argument `-auto` upućuje *mafft* da automatski odabere najbolju strategiju poravnavanja sekvenci, uzimajući u obzir veličinu podataka. Izlaz se direktno preusmjerava u novu datoteku na disk jer poravnate sekvence nisu potrebne u memoriji.

5.2. Nalaženje zajedničkih vrsta

Pronalazak zajedničkih vrsta najbitniji je modul Orthobalancera. U suštini, ovaj modul nije logički vezan za nalaženje ortologa, no za potrebe Ortobalancera je svojim sučeljima prilagođen njegovom cjevovodu. Nalaženje zajedničkih vrsta među skupovima ulaznih vrsta predstavlja jednu novu dimenziju u pronalasku ortolognih proteina. Konvencionalno traženja ortologa[? ?] jest kvalitetnije jer se pretraživanje odvija na razini sekvence, ali je moguće samo za genome koji su u potpunosti istraženi i zapisani u baze podataka.[?] Podizanje potrage za ortolozima na razinu vrsta omogućava da se ortolozi pronađu i među vrstama čiji genomi nisu još zabilježeni.

Ovaj modul za svoj rad koristi podatke iz NCBI-jeve *Taxonomy* baze. Koristi se čvorovi taksonomskog stabla živog svijeta i znanstvena imena pridijeljena čvorovima. Čvorovi su identificirani svojim jedinstvenim identifikatorima *tax_id*, a svaki čvor ima pridruženo jedno ili više korištenih imena. Samo jedno od tih imena je označeno kao znanstveno i također je jedinstveno za svaki čvor, uz neke iznimke poput sintetički stvorenih vrsta koje dijele znanstveno ime *Synthetic construct*. Datoteke koje sadrže podatke iz ovih baza su prilično velike te njihovo učitavanje, prilagođavanje i korištenje najviše utječe na trajanje izvođenja programa.

Na početku rada modula svi podaci se prilagođavaju za potrebe modula. Iz cjevovoda se od svake instance *ProteinHolder*-a uzimaju zabilježene vrste, a iz popisa zamjenjivih čvorova koje zadaje korisnik se prikupljaju svi zadani čvorovi. Svim prikupljenim imenima se tada pridružuje *tax_id* iz baze.

Nakon toga se gradi taksonomsko stablo u memoriji. Stablo je izvedeno kao veliki rječnik kojem za ključeve koristi *tax_id*, a svaki čvor je objekt razreda *Node*. Razred *Node* sadrži sljedeće bitne podatke: *tax_id* roditeljskog čvora, listu djece, brojač za svaku grupu ortologa, ukupni brojač grupa, listu zamjenskih roditeljskih čvorova te zastavicu je li balansiran. Brojači se inicijaliziraju na nulu, a kasnije tijekom algoritma će koristiti kao broj vrsta pojedine grupe ortologa koje se nalaze pod danim čvorom. Ukupni brojač grupa govori koliko ortolognih grupa ima svoga predstavnika pod nekim čvorom. Lista zamjenskih roditeljskih čvorova se inicijalizira na praznu listu, a bit će popunjena svim čvorovima koji su od korisnika označeni kao zamjenski te se nalaze iznad trenutno razmatranog čvora. Zastavica za balansiranje koristi se kasnije tijekom postupka balansiranja podstabala ispod zamjenskih čvorova. Algoritam je opisan u nastavku, a dan je i njegov pseudokod 2.

Sljedeći koraci predstavljaju inicijalizaciju stabla. Najprije se za svaku ortolognu grupu prolazi kroz sve vrste. Za svaku vrstu pronalazi se njen čvor, odnosno list u

stablu. Brojač tog lista za trenutnu ortolognu grupu se inicijalizira na 1. Istovremeno se ukupni brojač grupa u tome listu postavi na 1 te se pozove metoda koja propagira ukupni brojač grupa sve do korijena stabla, pazeći da ukupni brojač niti u jednom čvoru ne bude više od jednom povećan za neku grupu ortologa.

Nakon toga treba inicijalizirati zamjenske čvorove i pripadna podstabla. Za svaki zamjenski čvor poziva se rekurzivna funkcija koja se spušta do listova i svakome čvoru u njegovu listu zamjenskih roditeljskih čvorova dodaje *tax_id* zamjenskog čvora nad kojim je rekurzija pozvana. Time svaki čvor sadrži informaciju kojim zamjenskim podstablama pripada.

Sljedi algoritam 2. Algoritam rekurzivno prolazi stablom, polazeći od listova. U zamjenskim podstablama balansira grupe ortologa na sljedeći način. Nakon što se običu listovi, svaki čvor, za svaku od grupa ortologa, postavlja svoj brojač za tu grupu na vrijednost zbroja brojača svoje djece, pri čemu se od djece ne razmatraju već balansirani čvorovi. U slučaju da nijedan brojač u čvoru ne ostane na vrijednosti 0, čvor se proglašava balansiranim. Drugim riječima, u svakoj grupi ortologa postoji barem jedna vrsta ispod toga čvora te se one mogu ispisati kao uparene ili zamjenjive vrste. U idealnom, ali i najčešćem slučaju, desit će se da je vrsta prisutna u svim grupama ortologa te će tada sam čvor promatrane vrste biti proglašen balansiranim i roditelji ga zbog toga neće razmatrati. Za primjenu nalaženja ortolognih proteina to bi značilo da neka vrsta, na primjer *Homo sapiens*, sadrži ortologni protein svakome od ulaznih paraloga. Algoritam je tako osmišljen kako bi se balansirale što srodnije vrste. Što se tiče dijelova stabla koji nisu pod niti jednim zamjenskim čvorom, algoritam ne provodi postupak balansiranja te se u izlaz dodaju jedino one vrste koje su prisutne u svim grupama ortologa. Izlaz ovog algoritma vraća se pozivatelju, odnosno cjevovodu.

5.3. server

dio po dio

- jQuery

- komunikacija pipelinea i klijenta, log, dekoratori

- automatizacija (posla kroz cjevovod->treba ići u neko uvodno poglavlje o namjeri)

- robusnost

Algorithm 2 Obilazak stabla — balansiranje vrsta

```
1: algoritam obilaska počinje funkcijom obidiStablo()
2: ULAZ : korijenski čvor stabla;  $n$  skupova vrsta
3: IZLAZ : višeslojni rječnik izlaz koji za svaki balansirani čvor sadrži listu vrsta
   predstavnica iz svake grupe  $g$ 
4: function BALANSIRAJ(cvor, grupe)
5:   izlaz  $\leftarrow$  new izlaz
6:   for all dijete  $\in$  cvor.djeca do
7:     izlaz  $\leftarrow$  izlaz  $\cup$  balansiraj(dijete, grupe)
8:     if  $\neg$ dijete.balansiran then
9:       for all  $g \in$  grupe do
10:        cvor.brojac[ $g$ ]  $\leftarrow$  cvor.brojac[ $g$ ] + dijete.brojac[ $g$ ]
11:      end for
12:    end if
13:  end for
14:  if cvor.brojac[ $g$ ] > 0  $\forall g \in$  grupe then
15:    cvor.balansiran  $\leftarrow$   $\top$ 
16:    if  $\exists k \forall g \in$  grupe (cvor.brojac[ $g$ ] =  $k$ ) then
17:       $A \leftarrow$  skup svih pripadajućih vrsta pod cvorom cvor
18:      izlaz.pridruzi( $A$ )
19:    else
20:       $n \leftarrow \min\{\text{brojac}[g] \in \text{cvor}\}$ 
21:       $R \leftarrow \forall g \in$  grupe odaberi  $n$  slučajnih vrsta pod cvorom cvor
22:      izlaz.pridruzi( $R$ )
23:    end if
24:  end if
25:  return izlaz
26: end function
```

```

27: function OBIDISTABLO(cvor, grupe)
28:   if cvor.zamjenski() then      ▷ vraća  $\top$  ako je čvor u zamjenskom podstablu
29:     return balansiraj(cvor, grupe)
30:   else
31:     if cvor.list() then          ▷ vraća  $\top$  ako je čvor list
32:       for all  $g \in \textit{grupe}$  do
33:         izlaz[ $g$ ]['nezamjenski']  $\leftarrow$  cvor.ime
34:       end for
35:     else
36:       izlaz  $\leftarrow$  new izlaz
37:       for all dijete  $\in$  cvor.djeca do
38:         if dijete.ukupniBrojac = cvor.ukupniBrojac then
39:           izlaz  $\leftarrow$  izlaz  $\cup$  obidiStablo(dijete, grupe)
40:         end if
41:       end for
42:     end if
43:   end if
44:   return izlaz
45: end function

```

6. Rezultati

7. Zaključak

LITERATURA

- [1] Andreas D. Baxevanis. *Bioinformatics and The Internet*. John Wiley & Sons, Inc., 2002. ISBN 9780471223924.

**Orthobalancer: aplikacija za kreiranje skupova bioloških vrsta usporedive
taksonomijske širine**

Sažetak

Ključne riječi:

**Orthobalancer: web application for creation of taxonomically balanced sets of
orthologous protein sequences**

Abstract

Keywords: