

Projekt iz programske potpore

Bioinformatika - Poravnavanje i mapiranje sekvenci genoma

Voditelji:

- Prof. dr. sc. Mile Šikić
- Mag. ing. Rober Vaser

Sadržaj

1	Uvod	1
2	Rad na projektu	1
2.0.1	Cilj	1
2.1	Zadaci	2
2.1.1	Alati, okruženje, učitavanje podataka	2
2.1.2	Poravnanaje sekvenci	2
2.1.3	DNA Minimizeri	2
2.1.4	Mapiranje sekvenci	2
2.2	Rezultati	2
3	Literatura	2

1 Uvod

U sklopu predmeta 'Projekt iz programske potpore' na Sveučilištu u Zagrebu, Fakultet elektrotehnike i računarstva, studenti u međusobnoj suradnji pod nadzorom profesora i asistenata rješavaju praktične probleme s ciljem upoznavanja alata i tehnika korištenih u struci. Grupa okupljena pod vodstvom prof. dr. sc. Mile Šikića bavi se poravnavanjem i mapiranja genoma koristeći moderni C++, sustav za upravljanje izvornim kodom (eng. version control) git, automatizirani sustav izgradnje (eng. build system) CMake, sustav kontinuirane integracije TravisCI. Po završetku projekta, studenti bi trebali stjeći vještine korištenja spomenutih tehnologija te ujedno biti u stanju implementirati osnovne algoritme iz područja bioinformatike.

2 Rad na projektu

Prije početka rada na projektu, studenti su dužni proći navedene lekcije ako nisu upoznati sa zadanim tehnologijama:

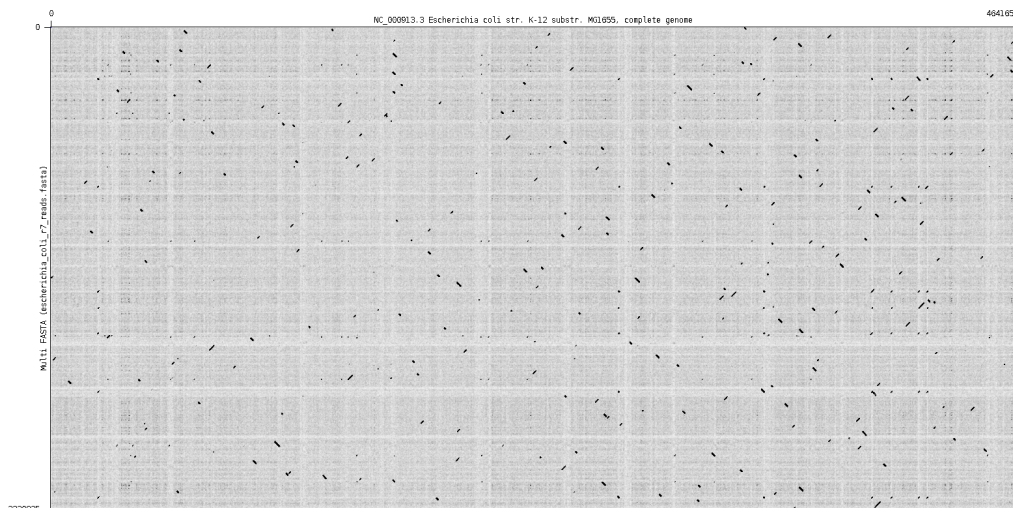
C++ , [GitHub](#) , [CMake](#) , [GoogleTest](#) , [TravisCI](#)

Također, poželjno je pridržavati se [Googleovih smjernica](#) za pisanje i oblikovanje C++ koda. Po početku rada studenti su podjeljeni u timove: blue, orange, pink i brown. ¹ Svaki tim ima svoju git granu i dozvoljeno je kreiranje novih s imenovanjem formata: `'white_feature_one'`.

2.0.1 Cilj

Studenti će implementirati biblioteku koja podržava nekoliko algoritama za mapiranje velikog broja relativno malih podnizova znakova na veliki niz znakova koji predstavlja referentni genom. Cilj je povezati implementirane biblioteke u jedan program, obično nazvan eng. mapper, s ciljem poravnanja skeniranih sekvenci.

¹White?



Slika 1: Vizualni prikaz

Zadaci

2.1.1 Alati, okruženje, učitavanje podataka

Svaki tim dužan je držati README.md svoje grane usklađenim s README.md glavne (eng. master) grane. Kao uvod u projekt, svaki tim treba postaviti strukturu projekta i inicijalizirati CMake postavke za izgradnju glavnog programa s imenom formata `<ime tima>_mapper` (npr. `white_mapper`)

2.1.2 Poravnanaje sekvenci

2.1.3 DNA Minimizeri

2.1.4 Mapiranje sekvenci

Rezultati

3 Literatura

– FER - Bioinformatika