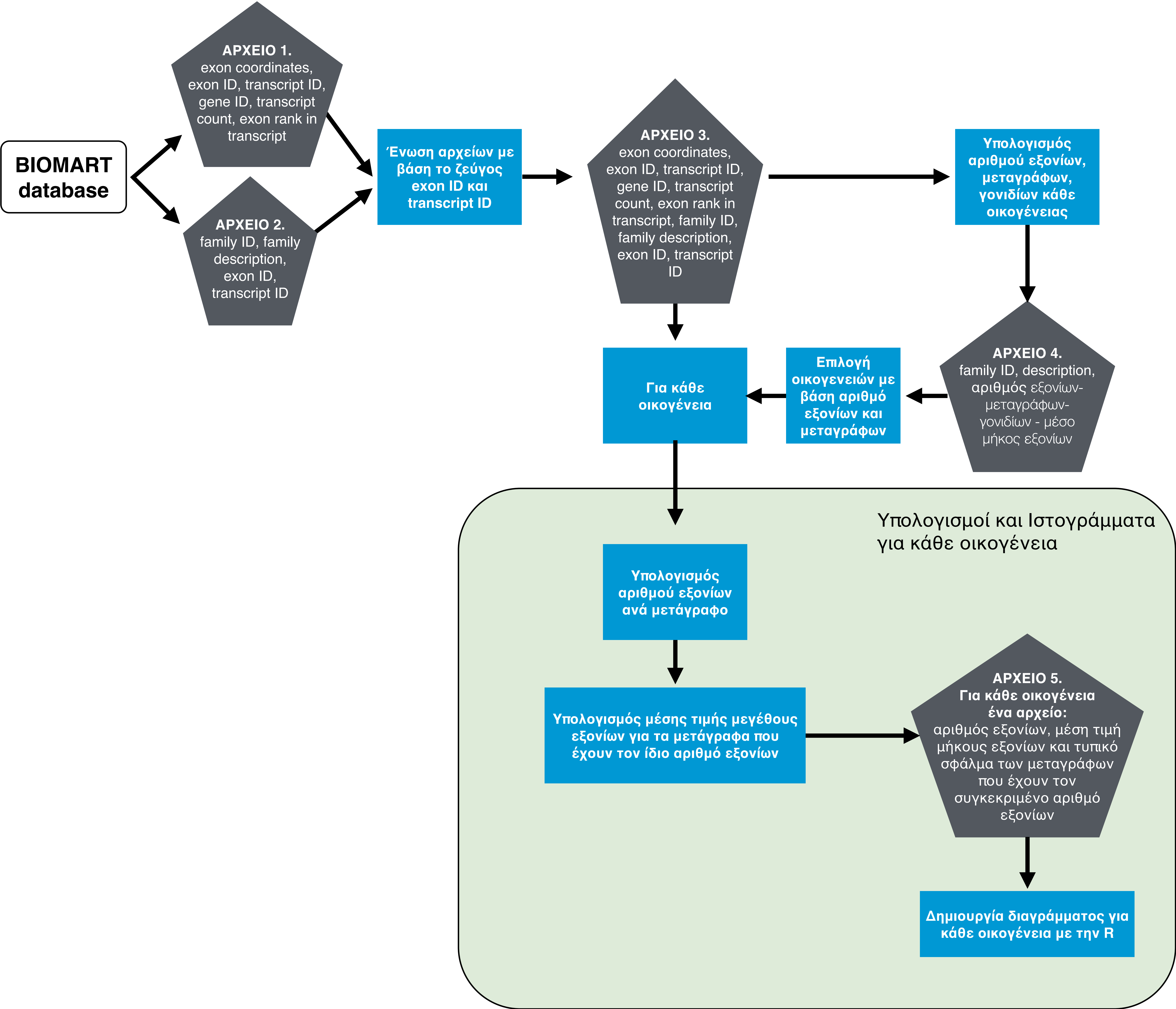
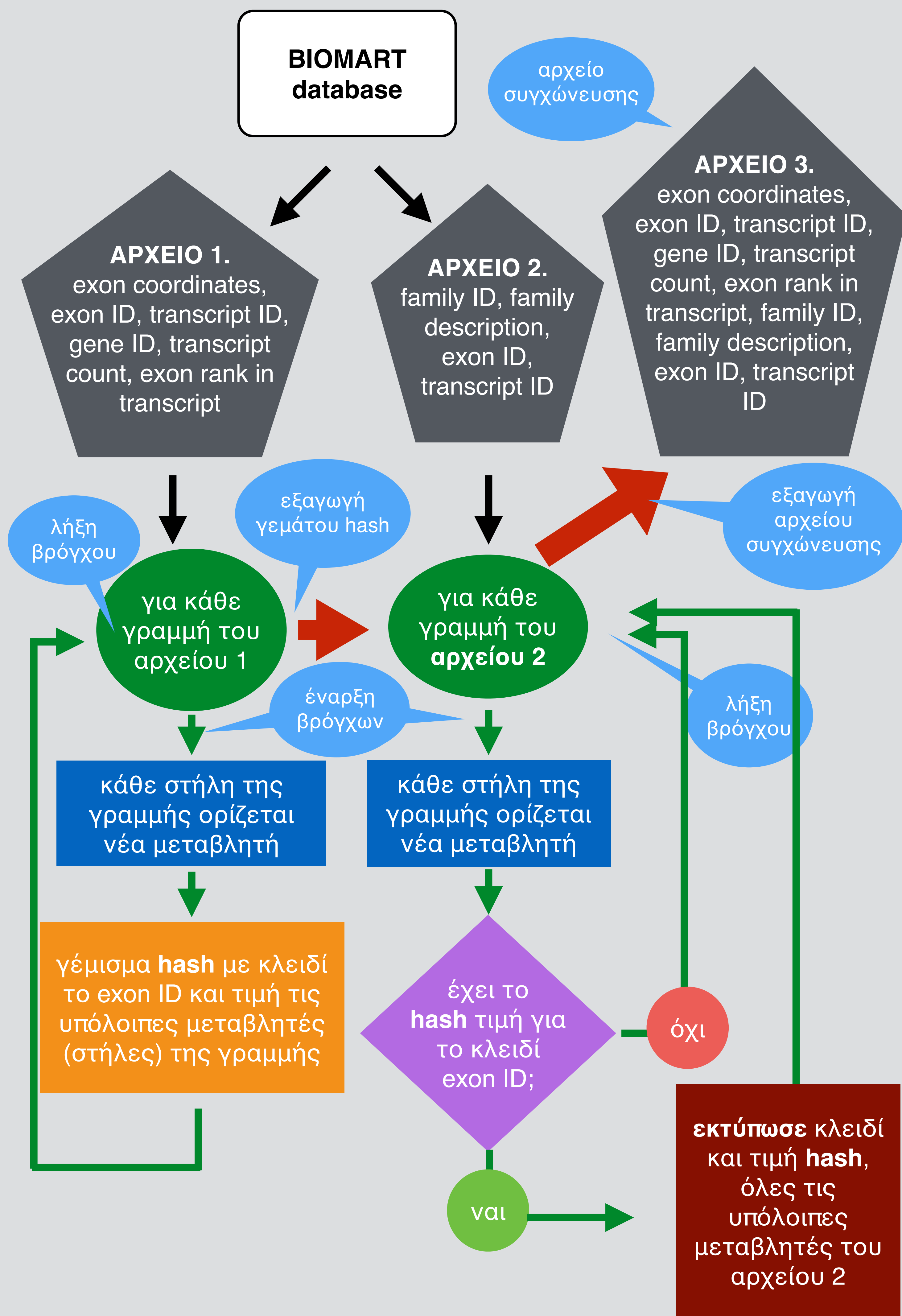


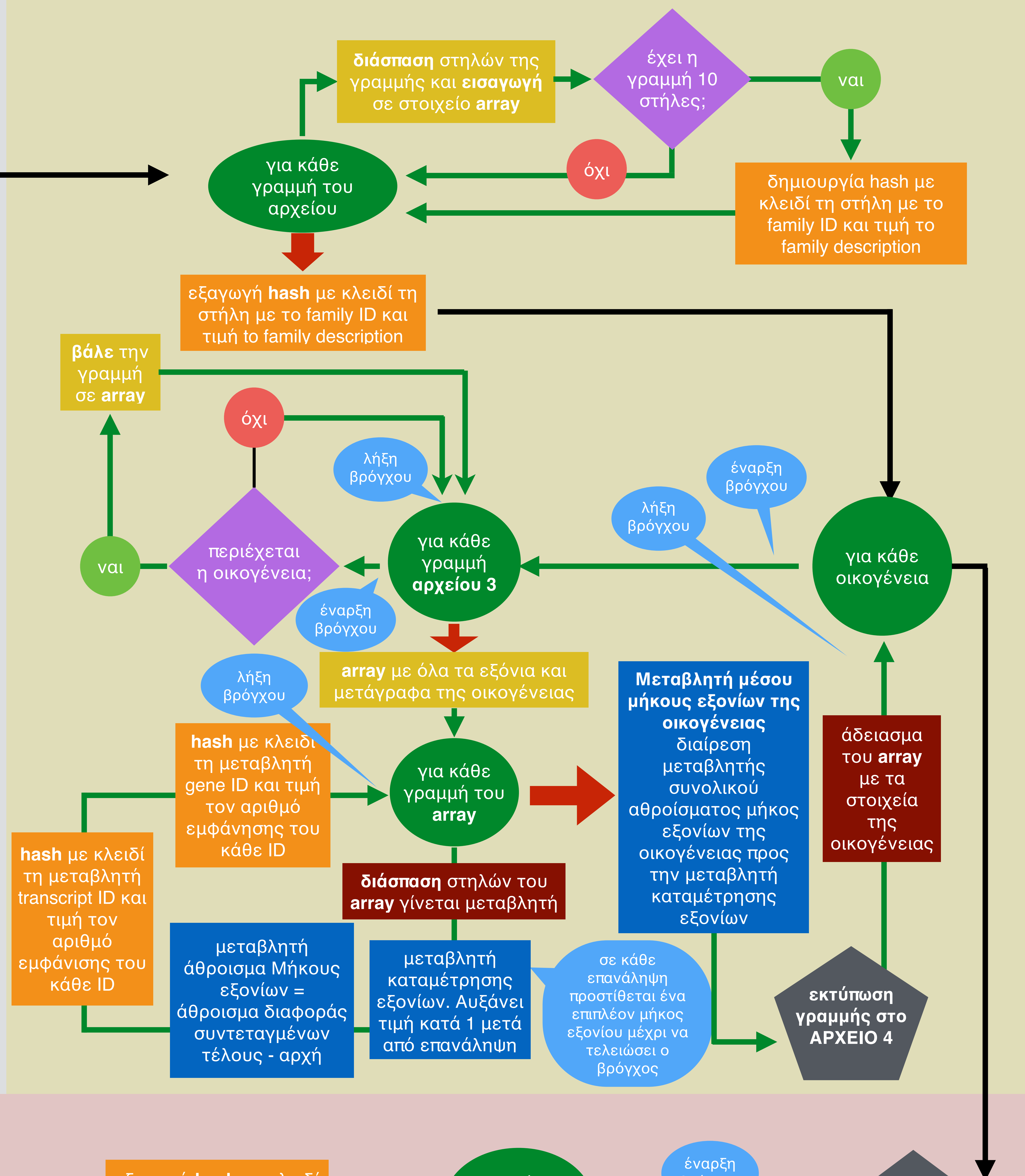
Διάγραμμα ροής



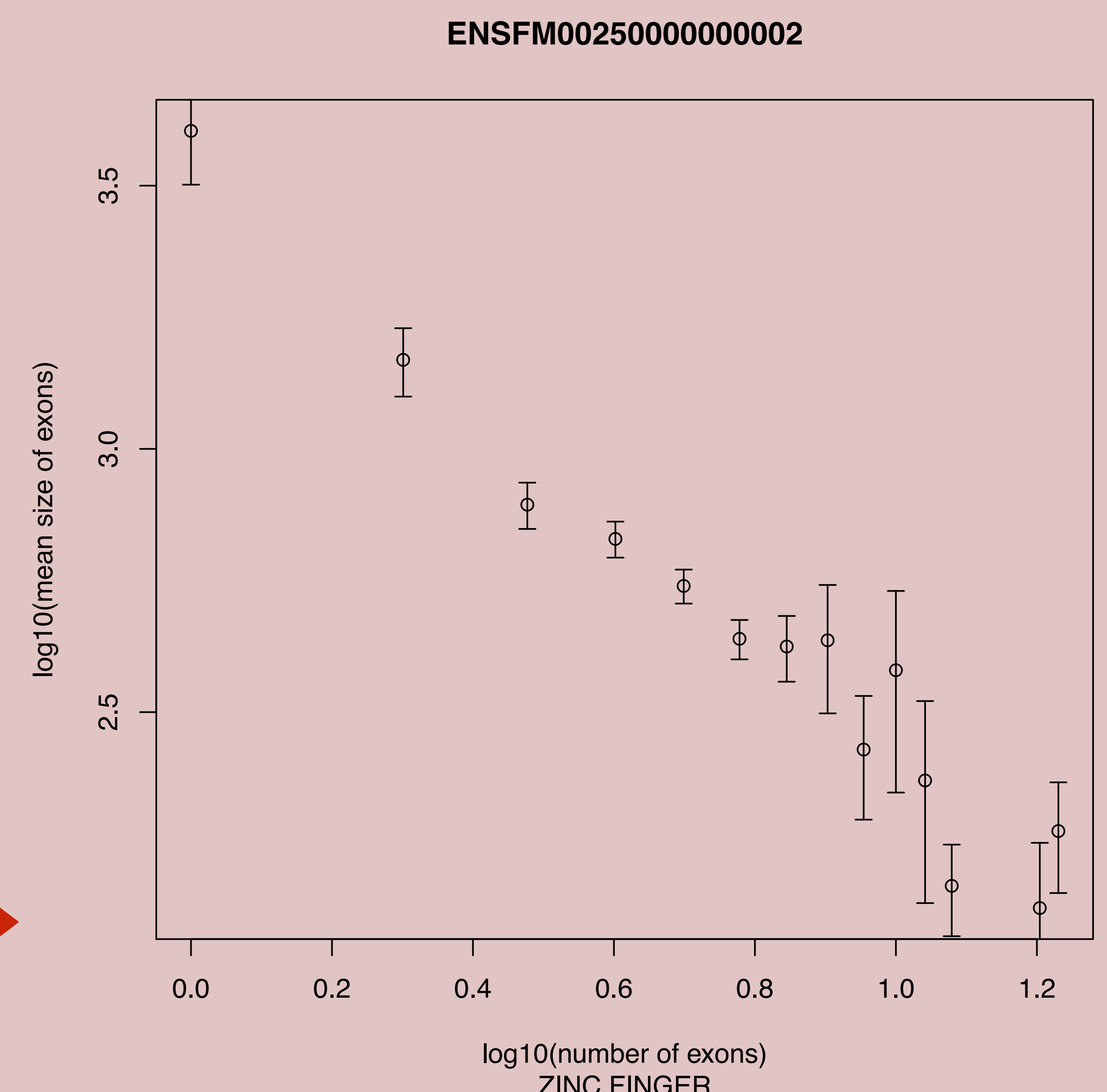
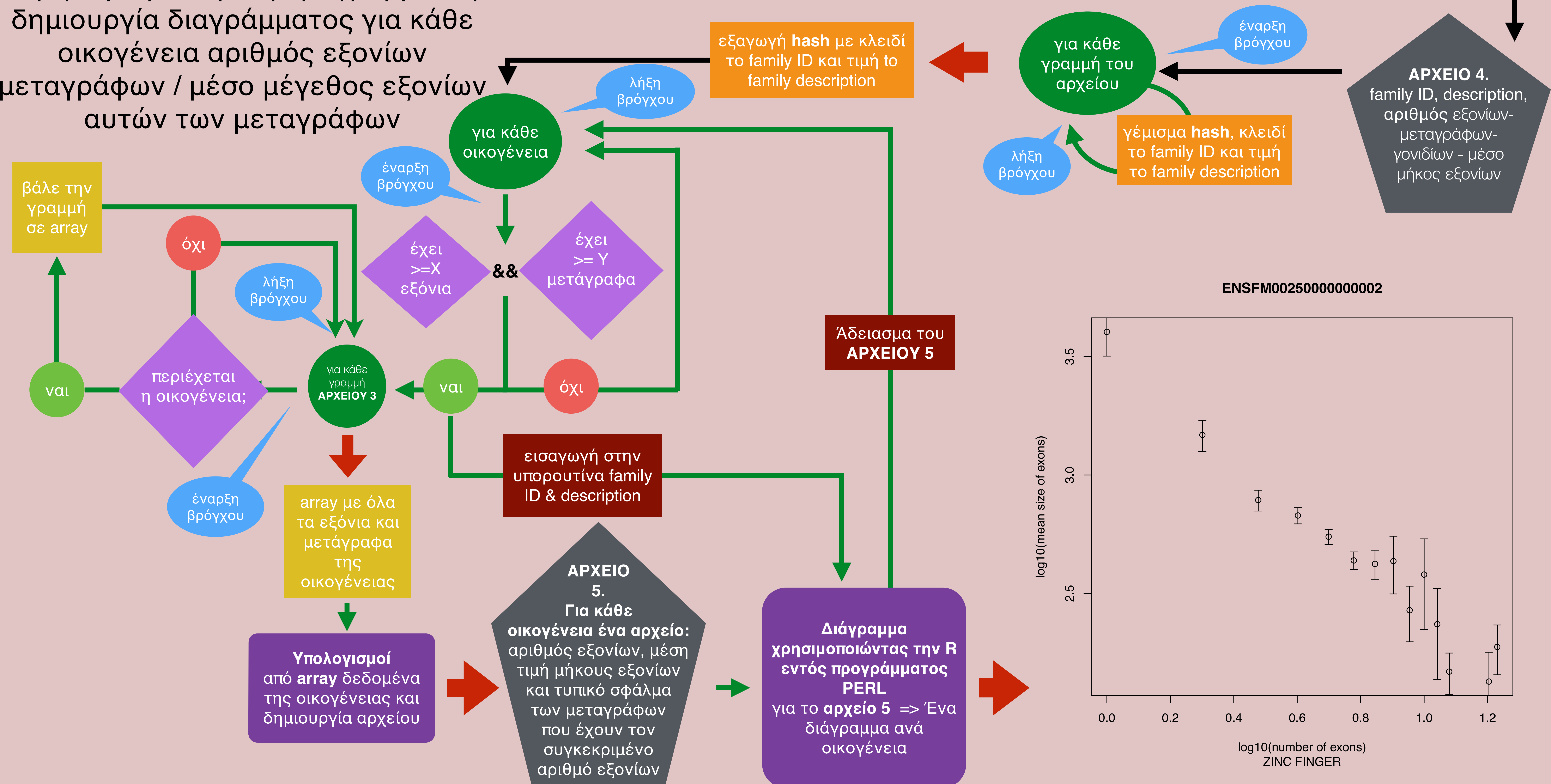
Αλγόριθμος 1 για συγχώνευση αρχείων: 1.
συντεταγμένες εξονίων με 2. όνομα
οικογένειας κάθε εξονίου



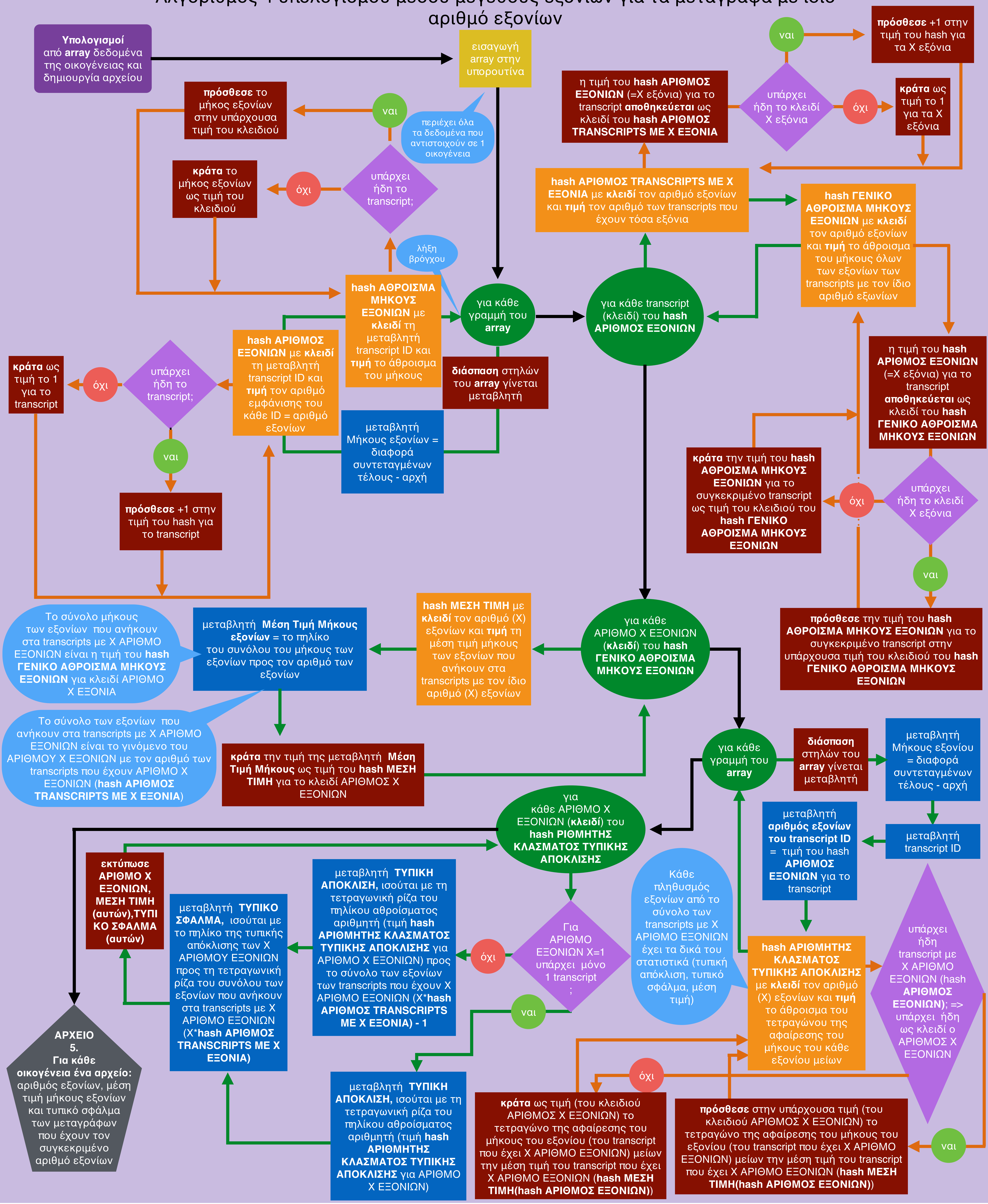
Αλγόριθμος 2 για υπολογισμό εξονίων,
μετάγραφων και γονιδίων για κάθε οικογένεια



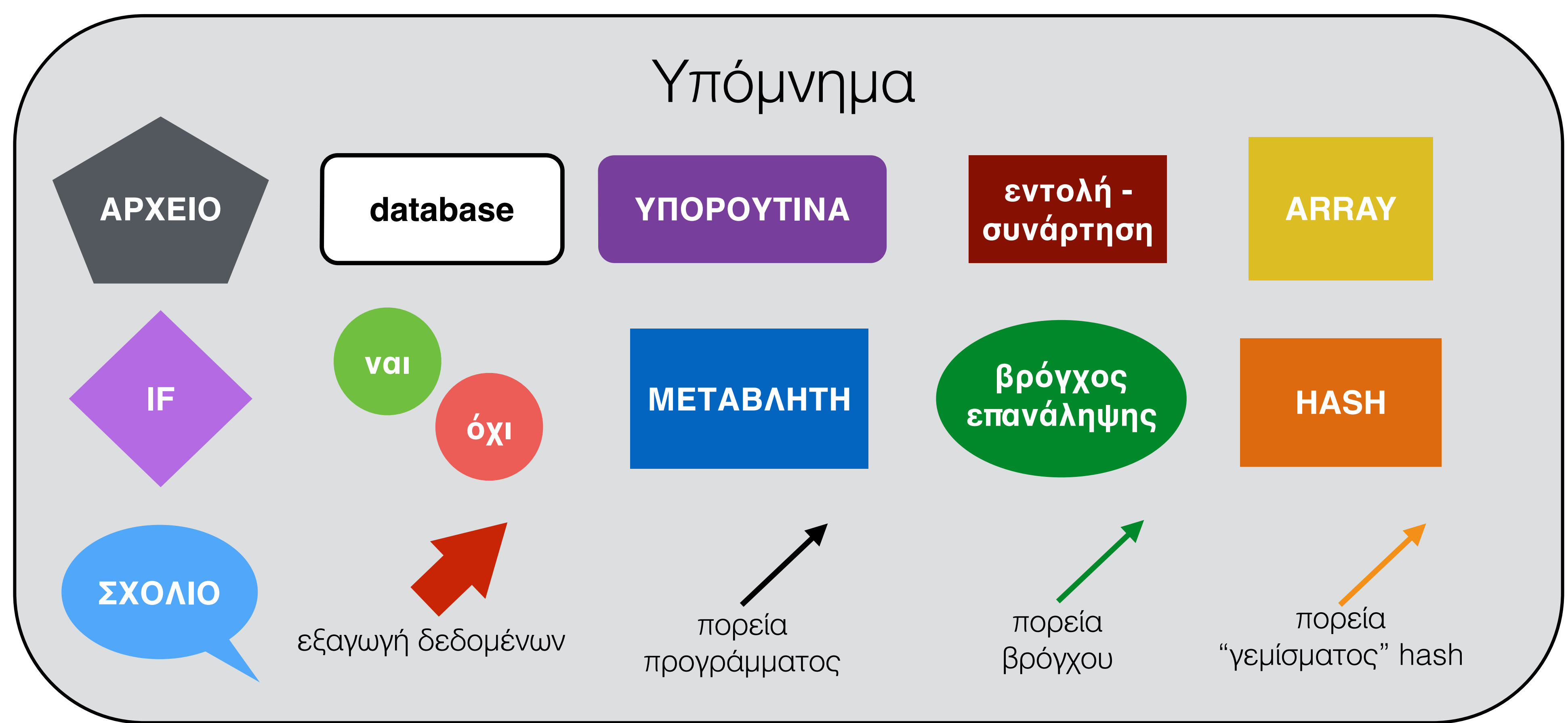
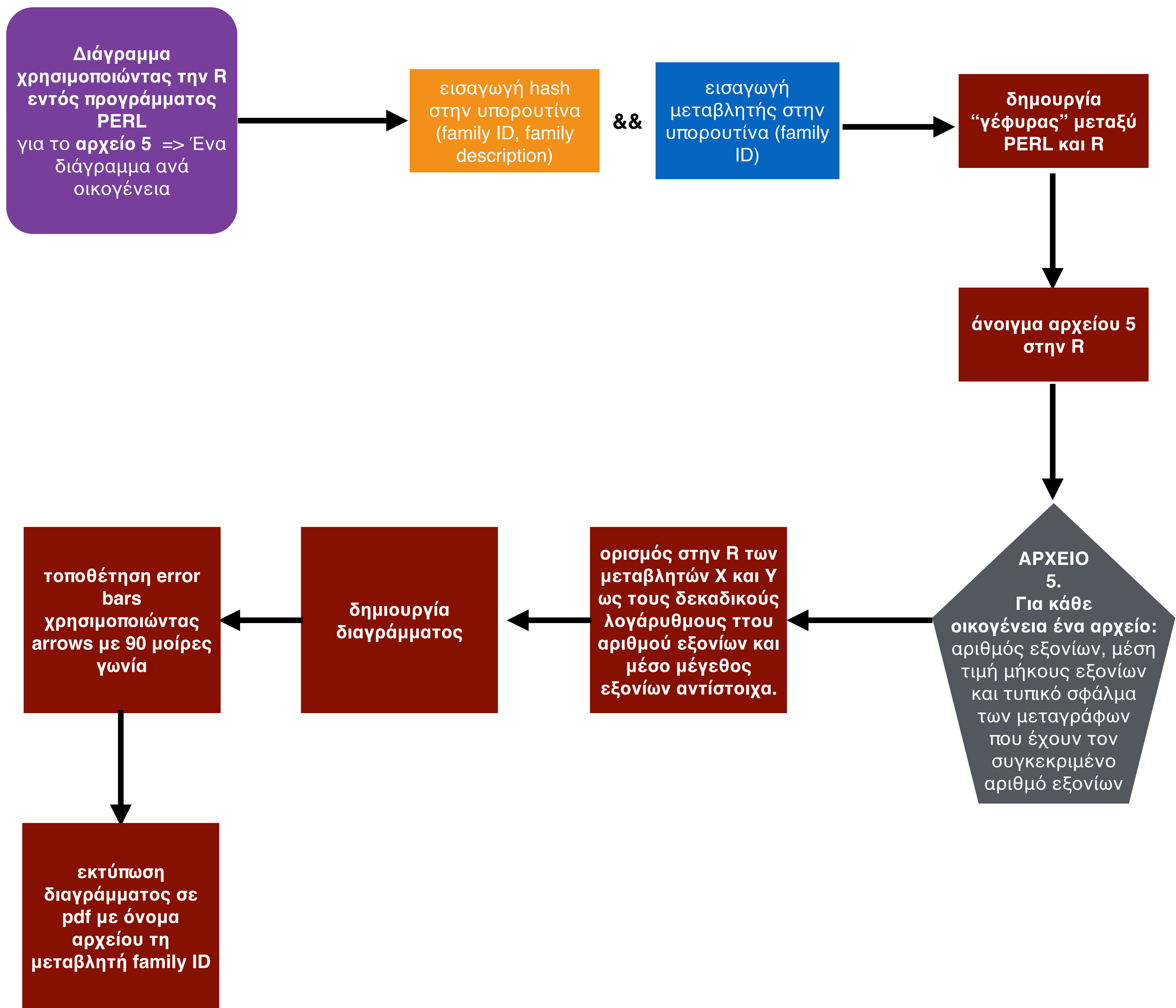
Αλγόριθμος 3 κυρίως προγράμματος:
δημιουργία διαγράμματος για κάθε
οικογένεια αριθμός εξονίων
μεταγράφων / μέσο μέγεθος εξονίων
αυτών των μεταγράφων



Αλγόριθμος 4 υπολογισμού μέσου μεγέθους εξονίων για τα μετάγραφα με ίδιο αριθμό εξονίων



Αλγόριθμος 5 για τη δημιουργία διαγράμματος για τα δεδομένα κάθε οικογένειας



Τα παραπάνω προγράμματα γράφτηκαν στην PERL ενώ για την ενσωμάτωση του κώδικα της R στην PERL χρησιμοποιήθηκε το πακέτο Ststatistics::R.
Τα δεδομένα που χρησιμοποιήθηκαν ήταν από την BIOMART.