

Cahier des charges

Interface graphique pour le logiciel deBGA

- 1) Présentation de deBGA**
- 2) Analyse des besoins fonctionnels**
- 3) Organisation du travail**

Equipe :

Baba BARO
Frédéric BERTOLO
Quentin CAVAILLÉ
Émilien LEDANT
Jérémy LE COZ
Thomas RIQUELME

1) Présentation de deBGA

deBGA = seed-and-extension-based read alignment tool

→ aligning various kinds of high-throughput sequencing reads to multiple similar reference genomes

Steps :

1. Index the genome through de Bruijn graph framework
2. Alignment between reads and index

2) Analyse des besoins fonctionnels

deBGA index [option] reference.fasta <index_route>

Index reference in RdBG-Index format (1 option)

deBGA aln [options] <index_route> <single_end_read.fastq>
<result_file.sam>

Align read to its primitive location in Reference (18 options)

3) Organisation du travail



Your entire project, in a single glance.



git