

Specifikace zápočtového programu - Program pro určení optimálního přiřazení DNA sekvencí

Karel Novák

Program bude řešit problém optimálního přiřazení dvou sekvencí DNA. Program bude načítat vstupní sekvence ve formátu FASTA. Výsledné přiřazení bude zobrazeno graficky. Program bude umožňovat nastavení způsobu penalizace rozdílů a mezer.

Program bude přiřazovat pomocí algoritmu s lineární paměťovou složitostí. Výpočet bude rozložen do více vláken.

Program bude naprogramován v jazyce C++ za použití multiplatformních knihoven.