

# Использование графов для работы с VCF-файлами

Студент: Гайдай Игорь

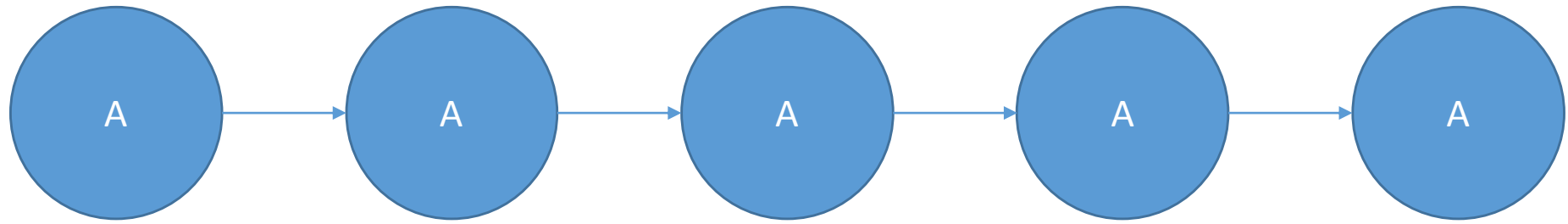
Руководитель: Михеев Максим, Biodatomics

# Задача:

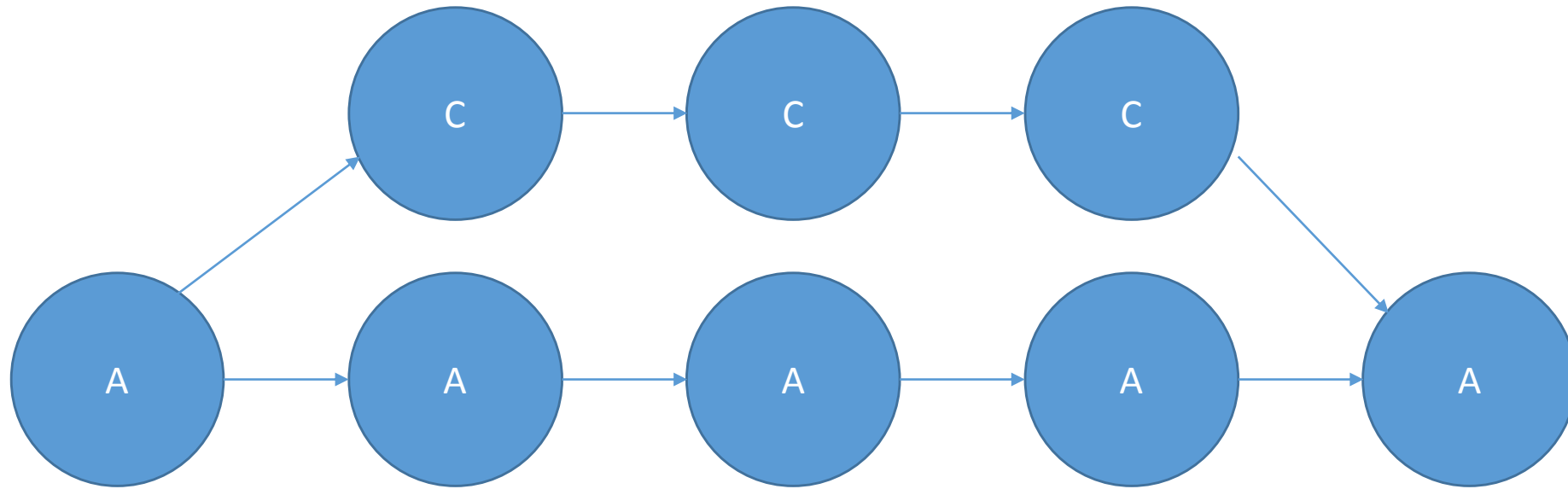
- Разработать средства для автоматического преобразования и представления мутаций, описанных в VCF-файле в виде графа
- Разработать средства для автоматического преобразования графа с мутациями обратно в VCF-файл

# Цель:

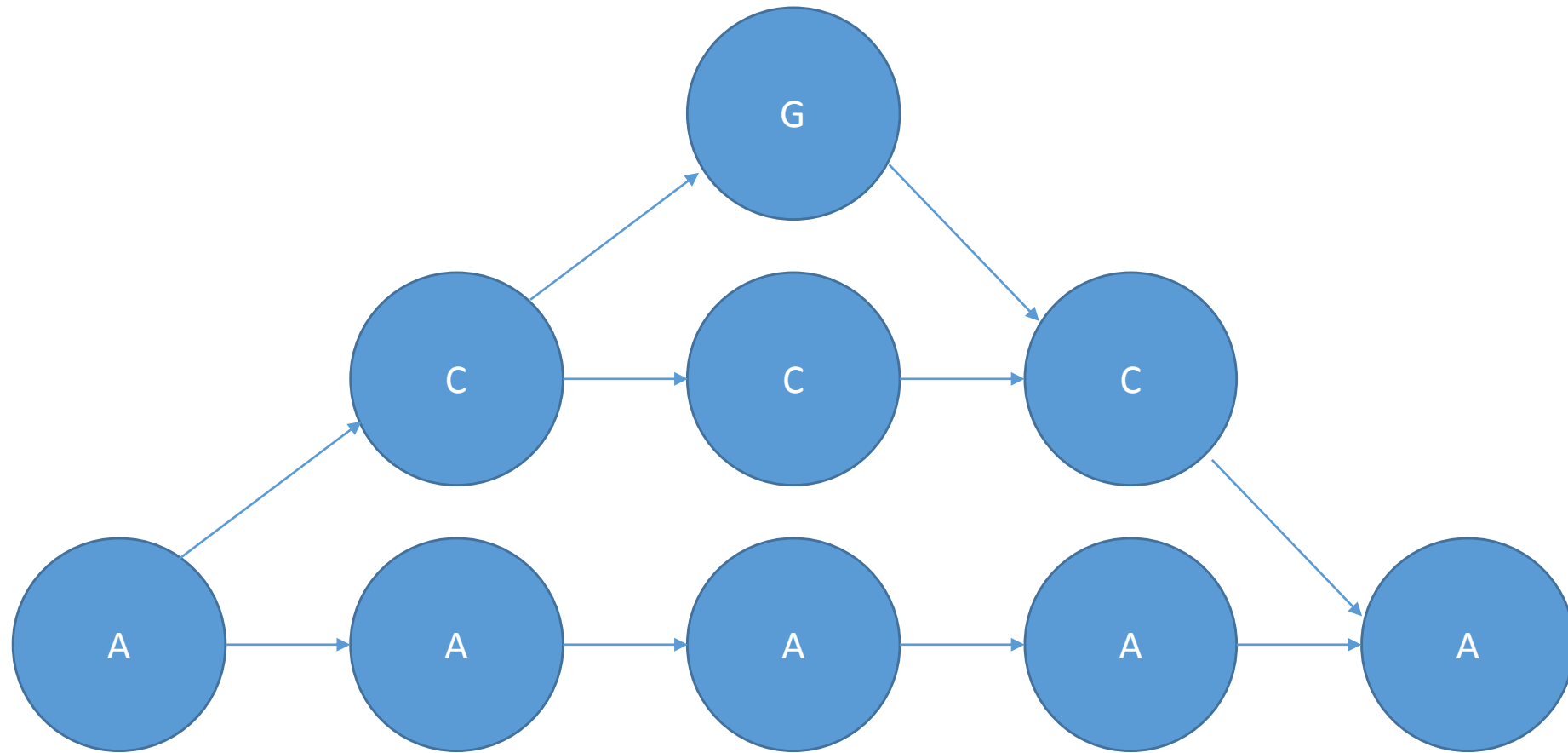
- Более естественное представление структуры мутаций
- Уменьшение объема хранимой информации
- Упрощение работы с данными
- Ускорение



2 - CCC



## 2 - CGC



# Реализация:

- Scala
- Java
- GraphX

# Результаты:

- Возможность создавать отдельный граф для каждой хромосомы каждого референса и добавлять в него альтернативные пути через обработку vcf-файлов.
- Возможность генерировать vcf-файлы для указанных хромосом по графу.
- Конвертация в некоторые другие форматы (dot).



Спасибо за внимание!