Prof. Dr. Knut Reinert
René Rahn
Denise Thiel
Kathleen Gallo
Jakob Schulze

Institut für Informatik
AG Algorithmische Bioinformatik

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik
Zweite Programmieraufgabe WS 14

Abgabe Montag, 17.11., 15:00 Uhr per SVN

Implementieren Sie den **Needleman-Wunsch-Algorithmus** zur Berechnung eines globalen Sequenz-Alignments.

Hinweise

- Sie brauchen nur eines der globalen Alignments mit optimalem Score auszugeben.
- Gibt es beim Traceback mehrere Pfade mit gleichem (optimalen) Score, beachten Sie bitte folgende Reihenfolge in der sie sich für einen Pfad entscheiden: Mismatch($\nwarrow$), Gap in `seqH` ($\uparrow$) und dann erst Gap in `seqV` ($\leftarrow$)

Aufruf: `./aufgabe2 seqV seqH [match=3 mismatch=-1 gap=-2]`

Die beiden Sequenzen (vertikal und horizontal) werden als Kommandozeilenargumente übergeben. Zusätzlich können als weitere Argumente die Scores für *matches*, *mismatches* und *gaps* in dieser Reihenfolge angegeben werden. Sind die Scores nicht angegeben, sollen $(0, -1, -1)$ als Standardwerte genommen werden.

Die Ausgabe soll in den ersten 3 Zeilen das Alignment der beiden Sequenzen enthalten (`seqV` über `seqH`), in einer 4. Zeile soll der Score angegeben werden. Achten Sie dabei auf das genaue Ausgabenformat (keine zusätzlichen Informationen):

```
./aufgabe2 IMISSMISSISSIPPI MYMISSISAHIPPIE 3 -4 -6
IMISSMISSIS-SIPPI-
 |   ||||||  ||||
-M--YMISSISAHIPPIE
score:-5
```

Praktikumshinweise Beachten Sie die Hinweise unter `https://www.mi.fu-berlin.de/w/ABI/AlDaBiWS14Praktikum`.