Prof. Dr. Knut Reinert
Jakob Schulze
René Rahn

Institut für Informatik
AG Algorithmische Bioinformatik

# Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik
# Zusatzprogrammieraufgabe WS 14

**Abgabe Montag, 16.02., 15:00 Uhr per SVN**

Implementieren Sie ein Programm, welches Sequenzen im FASTA-Format einliest und deren Reverskomplemente in gleicher Reihenfolge im FASTA-Format wieder ausgibt. Die Dateinamen der Ein- und Ausgabendatei werden über die Programmzeile angegeben (der dritte Parameter kann hier ignoriert werden). Sie dürfen nur die Hilfsmittel der Sprache selber und der STL benutzen um die Aufgabe zu lösen.

Beispielaufruf:
rrahn@peking: $ ./aufgabe7 input.fa output.fa

### less input.fa

```
>mouse
ACGTATTCAGCGAGCGACTACG
ACAGCGACTAGCGACGAG
```

### less output.fa

```
>mouse
CTCGTCGCTAGTCGCTGTCGTA
GTCGCTCGCTGAATACGT
```

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