Prof. Dr. Knut Reinert
Kathrin Trappe
René Rahn
Kathleen Gallo
Thomas Krannich

Institut für Informatik
AG Algorithmische Bioinformatik

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik
Dritte Praktikumsaufgabe WS 12/13

Abgabe Montag, 26.11., 15:00 Uhr

Paarweises Sequenz Alignment

Implementieren Sie den Needleman-Wunsch-Algorithmus **(4 Punkte)** mit benutzerdefinieren Kosten in C++ und geben sie ein optimales Alignment samt Score aus. Ihr Programm berechnet ein Alignment wobei:

- es die beiden zu alignierenden Sequenzen x und y über die Kommandozeile übergeben bekommt;
- zusätzlich auch Kosten in der Reihenfolge *match mismatch gap* über die Kommandozeile übergeben werden können **(0.5 Punkte)**;
- es den Score maximiert ($match > mismatch$ und $match > gap$) **(0.5 Punkte)**;
- es als Defaultwerte die Levenshtein-Distanz ($match = 0$, $mismatch = gap = -1$) für die Kosten benutzt, falls keine oder unvollständige Kosten angegeben wurden **(0.5 Punkte)**.

Die Ausgabe soll folgendes Format haben:

```
user@peking:~$ ./aufgabe3 IMISSMISSISSIPPI MYMISSISAHIPPIE 0 -1 -1
IMISSMISSIS-SIPPI-
 |   ||||||  ||||
-M--YMISSISAHIPPIE
score:-7
user@peking:~$
```

Hinweise: Gibt es bei der Berechnung von $F(i, j)$ mehrere Paare (i', j'), über die das Maximum erreicht wird, entscheiden Sie sich (in der Reihenfolge) für einen Mismatch ($\nwarrow$) oder ein Gap in y ($\leftarrow$) **(0.5 Punkte)**. Beachten Sie die Praktikumshinweise unter `https://www.mi.fu-berlin.de/w/ABI/AlDaBiWS12`.