Téma zápočtového programu: Lokální a globální pairwise alignment

Program bude implementovat dva algoritmy. Oba budou implementovány jak pro alignment podle proteinové a nukleotidové sekvence.

1. Smith-Waterman – globální alignment
2. Needleman-Wunsh – lokální alignment

Skórování bude řešeno tabulkami jako BLOSUM62 (bude jich více na výběr, včetně možnosti vytvořit vlastní).

Na výstupu bude alignment vypsaný buď do konzole nebo do souboru společně s CIGAR řetězem a skóre alignmentu.

Program bude moct být ovládán z konzole pomocí vstupních argumentů.

Ověření správnosti algoritmu bude pomocí již zavedených správných aplikací z internetu.

Algoritmy budou používat vhodné objekty pro zrychlení zápisu vypočítaných hodnot a jejich čtení při vytváření alignmentu.