

 INSTITUTO FEDERAL Brasília	<div> Instituto Federal de Brasília Campus Taguatinga Superior em Computação </div> <div> PB 3 - Programação em Bioinformática Alinhamento de sequências pairwise global </div> <div> 1/2020 </div>
---	---

Data de Entrega: 14/09/2020

Crie um programa em qualquer linguagem de programação que implementa o alinhamento pairwise global usando programação dinâmica (algoritmo de needleman Wunsch, conforme visto em aula). Como matriz de pontuação use +1 para *matches*, -1 para *mismatches* e -2 para *gaps*.

O programa deve receber como entrada um arquivo no formato .fasta (sequencias.fasta) contendo duas sequências de DNA. Para fins de testes, use sequências de tamanho máximo 10 (não necessariamente devem ter tamanho igual).

Após receber as duas sequências de entrada, deve-se gerar e imprimir na tela a matriz de programação dinâmica resultante. Depois de sua impressão, deve-se imprimir ao menos um alinhamento ótimo gerado a partir da matriz de programação dinâmica

Por fim, após finalizar o código, deve-se enviar junto ao código um documento chamado README.md (ou .txt) contendo as instruções de compilação/execução do código.

Bons estudos!!!