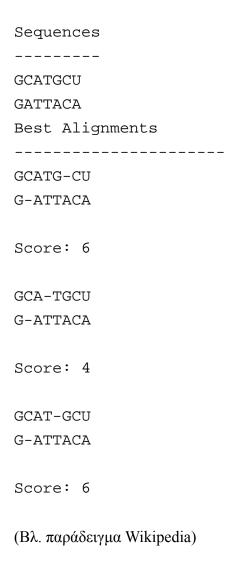
Προγραμματιστική εργασία 1

Θεματική: Ολική Στοίχιση Ακολουθιών (Αλγόριθμος Needleman-Wunsch, http://en.wikipedia.org/wiki/Needleman%E2%80%93Wunsch_algorithm)

Περιγραφή:

Κατασκευάστε εφαρμογή Java που υπολογίζει την ομοιότητα 2 αμινοξικών ακολουθιών. Για τον υπολογισμό των σκορ χρησιμοποιήστε τον πίνακα ομοιοτήτων PAM 250 (http://staffweb.ncnu.edu.tw/shieng/bioinformatics/PAM250.txt). Το πρόγραμμα θα υποστηρίζει την ανάγνωση των ακολουθιών τόσο σε μορφή FASTA όσο και σε UniPROT. Οι βέλτιστες στοιχίσεις θα εξάγονται σε αρχείο κειμένου results.txt, το οποίο θα περιέχει τις στοιχίσεις και τα σκορ τους.



Προγραμματιστική εργασία 2 (απαλλακτική για όσους έχουν εξεταστεί

στην Java στο προπτυχιακό πρόγραμμα σπουδών)

Θεματική: Πρόγνωση Δευτεροταγούς Δομής Πρωτεϊνών (Αλγόριθμος

Chou-Fasman, http://prowl.rockefeller.edu/aainfo/chou.htm)

Περιγραφή:

Υλοποιήστε τον αλγόριθμο Chou-Fasman για την πρόγνωση της δευτεροταγούς δομής μιας πρωτεΐνης από την αμινοξική ακολουθία της στη γλώσσα προγραμματισμού Java. Η εφαρμογή θα υποστηρίζει την ανάγνωση αρχείων μορφότυπου FASTA και θα εξάγει τα αποτελέσματα της πρόγνωσης σε αρχείο κειμένου choufasman.txt, και σε αρχείο εικόνας που θα περιέχει γράφημα των αποτελεσμάτων choufasman.png.

Παράδειγμα εισόδου-εξόδου:

input.txt

>1A00:A DEOXYHEMOGLOBIN A

VLSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGK KVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPA VHASLDKFLASVSTVLTSKYR

choufasman.txt

choufasman.png

