

# Προγραμματιστική εργασία 1

Θεματική: Ολική Στοιχίση Ακολουθιών (Αλγόριθμος Needleman-Wunsch,  
[http://en.wikipedia.org/wiki/Needleman%E2%80%93Wunsch\\_algorithm](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.

Sequences

-----

GCATGCU

GATTACA

Best Alignments

-----

GCATG-CU

G-ATTACA

Score: 6

GCA-TGCU

G-ATTACA

Score: 4

GCAT-GCU

G-ATTACA

Score: 6

(Βλ. παράδειγμα Wikipedia)

Residue totals: H:121 E: 74 T: 7  
percent: H: 85.8 E: 52.5 T: 5.0

choufasman.png

