Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik

5. Programmieraufgabe

Abgabe Do, 19.12. bis 23:59 Uhr per GIT

P1: Q-Gram Index (10 Punkte)

Programm-Spezifikation Schreiben Sie ein Programm mit dem Namen aufgabe5_main.cpp, das die folgenden Schritte in der main() implementiert:

- Einlesen des Genoms (siehe readline() Funktion aus Aufgabe 1); das Alphabet ist $\Sigma = \{A, C, G, T\}$
- Aufbau eines qGram-Indexes über das Genom mittels Counting Sort (siehe QGram-Index.hpp).
- Ausgeben der Matches für eine bestimmte Anfrage.

und folgendes Kommandozeilen
interface hat: ./aufgabe5 < GENOME_ FILE> < QUERY> Beispiel:

./aufgabe5_main mini.text GATTACA GATTACA: 7 0

Das q leitet sich also direkt aus der Query ab (hier: q = 7). Das Genom-File liegt als plain-text (einzeiliges Textfile) vor.

Implementieren Sie dafür alle Methoden aus der gegebenen Header-Datei QGramIndex.hpp in einer QGramIndex.cpp und benutzen Sie eine Instanz dieser Klasse in ihrer main() Methode, um die Ergebnisse zu generieren. Evtl. nützliche Hilfsfunktionen, welche Sie in QGramIndex benutzen sollten, finden Sie in $a5_util.hpp/.cpp$.

Beispieldaten für <GENOME_FILE> sind im ZIP file (wenn möglich, checken Sie bitte diese Text/ZIP Dateien aufgrund ihrer Dateigrösse nicht wieder in ihr GIT Verzeichnis ein).

Checken Sie QGramIndex.hpp, QGramIndex.cpp und $aufgabe5_main.cpp$ unter ./aufgabe5/ ins GIT ein.

Praktikumshinweise

- Im Header *QGramIndex.hpp* sind die Funktionen genau geschrieben, auch evtl. exceptions die geworfen werden sollen.
- Implementieren sie unbedingt counting-sort zum Aufbau des qgram-Index. Andere Implementierungen bringen keine Punkte.
- Benutzen Sie bitmasking in hashNext() (kein pow() oder vgl) und benutzen Sie hashNext so oft es geht beim Erstellen ihrer Datenstrukturen.
- Bauen Sie den QGI und SA im Konstruktor einmalig auf. Das erst in getHits() zu tun ist grober Unsinn.
- Am Montag zum Tutorium wird eine Test-Klasse online gestellt, mit der Sie ihre Implementierung überprüfen können.

Zusatzaufgabe: 5 Punkte

Implementieren Sie counting sort mit Hilfe von OpenMP in QGramIndex. Die Anzahl der Threads soll direkt von der Kommandozeile als zusätzliches (3.) Argument gelesen werden und in der main()-methode mittels $omp_set_num_threads(x)$ gesetzt werden (also insbesondere nicht in QGramIndex). Evtl. Anforderungen an die Geschwindigkeit finden Sie in der Test-Klasse (Tutorium).