

## 生物信息学概论 第一次作业

1. 利用 R(或者 Python, C++) 实现全局序列比对函数, 其返回最优分数。  
即  
给定: 两条序列, 及 **alpha**(两个字符匹配的分值), **beta**(两个字符不匹配的分值), **gamma**(字符匹配空位置的分值)  
返回: 两个字符串全局匹配的分值; 同时打印获取该分值的匹配路径。  
例子: 如给定 ACTC, ACC,  $\alpha=1, \beta=-1, \gamma=-1$ ,  
返回: 2。
2. 给定附件 LongestCommonSeq.txt 中的两个字符串(空格也当做一个实际字符), 返回这两个字符串最大的共有子串。  
提示: 令  $\alpha=1, \beta=0, \gamma=0$ , 请根据全局序列比对的函数, 打印匹配路径即可(只打印从对角线来源的位置)。

**Example:**

```
String A = "acbaed";  
  
String B = "abcadf";
```

String A	a	c	b	a	e	d
String B	a	b	c	a	d	f

Longest Common Subsequence(LCS):      acad, Length: 4