

BİLGİSAYAR YAZILIMINDA YENİ GELİŞMELER - 1. ÖDEV
GLOBAL HIZALAMA

TESLİM TARİHİ: 30 EKİM 2014
OLASI DEĞİŞİKLİKLER İÇİN DUYURULARI TAKİP EDİN.

Bu ödevde Needleman–Wunsch ikili global hizalama algoritmasının değiştirilmiş bir versiyonunu gerçekleştirmeniz beklenmektedir. Bu ödevde DNA sıralamalarını hizalayacaksınız. Gerçekleştireceğiniz algoritmanın orijinal algoritmadan farkı uyusan yapıların skorlanması ile ilgilidir. Bu ödevde uyusma başlangıcı ile uyusmanın uzatılması farklı olarak değerlendirilmektedir. Skorumu aşağıdaki şekilde yapılacaktır:

- İlk uyusma (initial match) = +2
- Uysmanın uzaması (extension of a match) = +5
- Uysmama (mismatch) = -1
- Bosluk (Gap) = -1, bosluk cezaları lineerdir.

Örnek: İki DNA dizilimi için global hizalama aşağıdaki gibiyse

TTACAC-GGTATCACAACAAG
TGACTCAGGTCTCAGAA-TAG

bu hizalamanın skoru 42'dir.

Skor hesaplanması:

$$2 + -1 + 2 + 5 + -1 + 2 + -1 + 2 + 5 + 5 + -1 + 2 + 5 + 5 + -1 + 2 + 5 + -1 + -1 + 2 + 5 = 42$$

Program çıktı olarak hizalama skorunu ve hizalamayı verecektir. Aynı skora sahip birden fazla hizalama varsa tüm hizalamalar yazdırılacaktır.

Girdi ve çıktı kısıtları

- a) Girdileriniz çalıştırılabilir dosyanızla aynı klasörde bulunan inp.txt dosyasından okuyacaksınız. Dizilimler iki farklı satırda olacaktır ve semboller arasında boşluk olmayacaktır.
- b) Çıktılar out.txt dosyasına yazılacaktır. Bu dosya çalıştırılabilir dosyanızla aynı klasörde yer alacaktır.
- c) Dosyanın ilk satırı hizalamanın skorunu gösterecektir. Devam eden satırlarda hizalamalar yazılacaktır. Eğer birden fazla hizalama varsa iki farklı hizalama arasında bir satır boşluk olacaktır.

Diğer Kısıtlar

- Ödevi istediğiniz dilde kodlayabilirsiniz.
- Ödev Ders saatinde CD'ye yazılmış olarak teslim edilecektir. CD üzerine öğrenci bilgilerinizi yazmayı unutmayınız.
- Değerlendirme daha sonra duyurulacak bir tarihte demo şeklinde yapılacaktır.