Uvod u Bioinformatiku, Septembarski rok

 $Industrija \ 4.0$ Školska godina 2022/2023

Uputstvo:

Na Desktop-uu se nalazi folder sa nazivom BIO. SEPT u kome se nalaze nepotpuni kodovi rešenja zadataka koje treba dopuniti kako bi traženi algoritmi bili implementirani. Folder preimenovati u format bio_ispitniRok_Prezime_Ime_BrIndeksa (npr. bio_sept_Peric_Pera_4005-2021) i sve kodove čuvati u preimenovanom folderu dopunjujući nepotpune kodove. NAPOMENA: Kodovi koji se ne kompajliraju (imaju sintaksne greške) automatski nose 0 poena.

1. [12.5p] Napisati kod *Greedy Motif Search* algoritma koji pronalazi skup motiva dužine k za dati skup od t sekvenci dna_sequences primenjujući pohlepan pristup.

Primer:

2. [12.5p] Napisati kod algoritma *Smith-Waterman* koji pronalazi optimalno lokalno poravnanje između dve sekvence, pri čemu je skor uparivanja istih karaktera jednak 1, skor uparivanja različitih karaktera 0, a poravnanje karaktera sa prazninom -1.

Primer:

3. [12.5p] Napisati kod Neighbor-Joining algoritma koji konstruiše nekoreno evolutivno stablo za matricu rastojanja D dimenzije $n \times n$.

Primer:

```
D = [[0, 13, 21, 22],
        [13, 0, 12, 13],
        [21, 12, 0, 13],
        [22, 13, 13, 0]]

n = 4

Izlaz: { 0: [('3+2+1', 11.0)],
        '3+2+1': [(0, 11.0), ('3+2', 4.0), (1, 2.0)],
        '3+2': [('3+2+1', 4.0), (3, 7.0), (2, 6.0)],
        1: [('3+2+1', 2.0)],
        3: [('3+2', 7.0)],
        2: [('3+2', 6.0)]
}
```

4. [12.5p] Napisati kod koji korišćenjem strukture *sufiksnog stabla* formiranog za nisku **sequence** pronalazi sva njena uparivanja sa niskom **pattern** i ispisuje sva mesta (indekse) unutar niske **sequence** na kojima je pronađeno uparivanje.

Primer:

```
sequence = 'ATATGCTCTATGCTAGATGTGCTATA'
pattern = 'ATG'

Izlaz: [9, 2, 16]
```