

Uppgift 1

Förberedelser: Läs kapitel 2.5 i läroboken och titta på föreläsning 3.

Kod: Kodskelettet kan laddas ned från Canvas eller från

http://www.csc.kth.se/~jboye/teaching/language_engineering/a01/Aligner.zip

Unzippa koden i lämplig mapp. Öppna ett kommandofönster, gå till mappen `Aligner` och skriv:

```
pip install -r requirements.txt
```

Nu ska allting du behöver för att göra labben vara installerat.

Uppgifter:

1. Stränglänkning är en viktig uppgift i många språkteknologiska tillämpningar, och även i bioinformatik. Filen `Aligner.py` innehåller ett kodskelett i Python för att beräkna och skriva ut den bästa stränglänkningen av två strängar eller två filer (dvs den länkning som beräknas med metoden som presenteras i föreläsning 3). **Er uppgift är att utöka koden så att programmet fungerar som det ska** (leta efter kommentaren `YOUR CODE HERE` i programkoden). Använd skripten `run_aligner_01.sh` till `run_aligner_08.sh` för att köra programmet på olika testexempel, och hitta gärna på några egna exempel också. Flaggan `check` kommer att göra att programmet jämför resultatet med det korrekta resultatet. T.ex.:

```
python Aligner.py -s broke above --check
```

Notera att i allmänhet så finns det flera lika bra länkningsar. När man till exempel länkar *step* och *steep*, så kan bokstaven 'e' i *step* länkas med antingen den första eller andra förekomsten av 'e' i *steep*.