

Tugas 4 – Extra credit untuk ProgKom kelas B dan C Semester Genap 2022-2023

Submit `haplotype.cpp`, `haplotype1.txt`, dan file Ms. Word di mana Anda menyalin semua hasil *screenshot* yang diperlukan.

1. Unduh `haplotype.txt` dari myITS Classroom. Sebagai awalan pada program `haplotype.cpp`, baca dan cetak setiap **baris** teks dalam `haplotype.txt` ke `exe`. Ambil *screenshot* dari hasil cetak yang Anda lakukan.
2. Simpan setiap baris `haplotype.txt` sebagai elemen-elemen sebuah *vector*. Cetak setiap elemen dari *vector* ini sesuai posisi barisnya.
 - Ambil *screenshot* dari hasil cetak yang Anda lakukan.
 - Perintah looping apa yang Anda gunakan untuk ini? Jelaskan bagaimana perulangan Anda bekerja.
3. Pisahkan nama sekuens (teks berawalan '>') dengan sekuens (teks berisikan karakter nukleotida {A, C, G, T}) dalam dua array yang berbeda.
 - Cetak **semua** nama sekuens
 - Cetak **semua** sekuens DNA
 - Ambil *screenshot* dari hasil cetak kedua array yang Anda lakukan.

4. Buat function yang menghitung skor *similarity* sekuens untuk kedelapan sekuens DNA. Aturan pemberian skor untuk setiap pasangan nukleotida di posisi/indeks yang sama:

$$\text{Skor similarity (nukleotida1, nukleotida2)} = \begin{cases} 1 & , \text{ untuk pasangan nukleotida sama} \\ 0.6 & , \text{ untuk pasangan (C, G) atau (G, C)} \\ 0.2 & , \text{ untuk pasangan (A, T) atau (T, A)} \\ -0.5 & , \text{ untuk pasangan yang mengandung (-)} \\ 0 & , \text{ untuk pasangan selain di atas} \end{cases}$$

- Lengkapi program Anda dengan *function prototype* yang sesuai.
 - Cetak array-dua-dimensi yang berisi skor *similarity* $S_{(x,y)}$ dalam bentuk matriks, dengan format sebagai berikut:
- $$\begin{bmatrix} S_{1,1} & S_{1,2} & \cdots & S_{1,8} \\ S_{2,1} & S_{2,2} & \cdots & S_{2,8} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ S_{8,1} & S_{8,2} & \cdots & S_{8,8} \end{bmatrix}$$
- Ambil *screenshot* dari hasil cetak array-dua-dimensi yang Anda lakukan.
5. Cetak nilai skor *similarity* paling tinggi, lengkapi hasil cetak dengan **nama** semua pasangan sekuens yang menghasilkan skor tersebut. Ambil *screenshot* dari hasil cetak tersebut.

6. Untuk sekuens dengan nama SRX5, tulis program (melengkapi program yang telah Anda buat untuk pertanyaan 1 sd. 4) untuk mencari tiga sekuens lainnya yang paling mirip dengan SRX5.
 - Anda bisa menggunakan **strategi apapun** untuk tujuan mencari 3 sekuens paling mirip dengan SRX5.
 - Cetak keempat sekuens, termasuk SRX5, ke dalam file bernama haplotype1.txt. Gunakan format original.
 - Upload file haplotype1.txt ke myITS classroom.
7. Upload program Anda dalam satu kesatuan file haplotype.cpp.
8. Upload hasil *screenshot* Anda yang sudah disalin pada file Ms. Word.