

## 2. Übungsblatt “Einführung in die Bioinformatik” SS 2008

Prof. Dr. Daniel Huson und Juliane D. Klein

21. April 2008

Jedes zweite Übungsblatt wird praktische Aufgaben beinhalten. Dazu werden Java-Dateien auf unserer Webseite zur Verfügung gestellt, die vervollständigt werden sollen.

Einen Überblick über Java und über die API gibt es hier:

[www.galileocomputing.de/openbook/javainse7](http://www.galileocomputing.de/openbook/javainse7) und <http://java.sun.com/j2se/1.4.2/docs/api>.

Zur Entwicklung eignet sich IDE Eclipse (kostenlos unter [www.eclipse.org](http://www.eclipse.org)).

Schicken Sie bitte die fertig implementierten Dateien an den jeweiligen Tutor:

Verena.Schattel bei [gmx.de](mailto:gmx.de) oder Robert.Krug bei [gmx.net](mailto:gmx.net)

### 1 Einlesen und Ausgeben von FastA-Dateien (3 Punkte)

Implementieren Sie bitte in der Klasse `FastA` die zwei Methoden zum Einlesen und Ausgeben von einer FastA-Datei, und die Methode `main()`. Benutzen Sie dazu die Funktionen der Basisklasse `FastABase`, die bereits fertig implementiert ist. Beim einlesen sollte sichergegangen werden, dass die Datei tatsächlich im FastA-Format ist. Genaueres ist in den Kommentaren der Funktionen beschrieben.

### 2 Needleman-Wunsch Algorithmus (7 Punkte)

Implementieren Sie bitte den Needleman-Wunsch Algorithmus so, dass *alle* optimalen Alignments durch den Traceback gefunden werden. D.h., wenn es mehrere optimale Lösungen gibt, sollten alle ausgegeben werden.

Die Rekursion und das Traceback sollen bitte auf der gleichen Matrix ausgeführt werden. Implementieren Sie dazu in der Klasse `NeedlemanWunsch` die Funktionen `compute` und `traceback` und nutzen Sie dabei die Funktionen der Basisklasse `NeedlemanWunschBase`.