

Introduzione al Calcolo Scientifico - - 6 Giugno 2005

Consegna entro 17 Giugno 2005

Utilizzando la Tecnica della Programmazione dinamica implementare un algoritmo di valutazione per l'allineamento ottimale tra due sequenze di DNA. I caratteri possibili sono $\{A, G, C, T, -\}$ e la funzione di scoring "locale" σ è definita come

$$\sigma(U, V) = \begin{cases} 5 & \text{se } U = V; U, V \in \{A, G, C, T\}; \\ -2 & \text{se } U \neq V; U, V \in \{A, G, C, T\}; \\ -6 & \text{se } U \neq V; \text{ un solo carattere gap} \end{cases}$$

Facoltativo: disegnare un allineamento ottimale.

Test realistico: utilizzare la parte di DNA riportate nel link

<http://www.mathworks.com/products/demos/bioinfo/demos/aligndemo.html>
presso la Mathworks come esempio di applicazione del Toolbox di Bioinformatica.