



Blatt 1

Ziel dieses Übungsblattes soll es u.a. sein, eine funktionstüchtige Programmierumgebung zur Verfügung zu haben, die als Ausgangspunkt zur Lösung der Programmieraufgaben auf späteren Übungszetteln dienen soll. Insbesondere sollen grundlegende Ein- und Ausgabeoperationen in der Programmiersprache ihrer Wahl (Java oder C++) realisiert werden, sowie elementare Operationen auf Strings.

Für dieses und alle weiteren Aufgabenblätter mit Programmieraufgaben gilt, dass jeweils nur die Ergebnisse in geeigneter Weise abgegeben werden sollen.

Aufgabe 1.1

- (a) (4 Punkte) Auf der Internetseite zur Übung findet sich die Datei „sequence.dat“, die mehrere DNA-Sequenzen im FASTA-Format enthält. Finden Sie zunächst heraus, wie das FASTA-Dateiformat definiert ist und erstellen Sie dann ein Programm, das diese Datei öffnet und den darin befindlichen Text (DNA-Sequenzen) einliest. Die Header der einzelnen Sequenzen sollen dabei nicht weiter berücksichtigt werden. Entfernen Sie beim Einlesen die Zeilenumbruchzeichen und geben Sie die Strings ohne Zeilenumbrüche auf der Kommandozeile wieder aus.
- (b) (2 Punkte) Schreiben Sie eine Funktion, die einen String nach den Transkriptionsregeln DNA \rightarrow RNA umwandelt. Wenden Sie Ihre Funktion auf die eingelesenen Sequenzen (Strings) an.
- (c) (4 Punkte) Implementieren Sie den naiven Algorithmus zur exakten Mustersuche und wenden Sie ihn auf die Sequenzen in der Datei an, um alle Vorkommen des Musters "atg" in den Sequenzen zu finden. Geben Sie alle Fundstellen des Musters (Positionen) an.

Aufgabe 1.2

- (a) (2 Punkte)
Geben Sie eine formale Definition des reversen Strings S^r eines Strings S an.