

## Uvod u bioinformatiku, ispit, JUN2, 01.07.2023.

**Uputstvo:** Na desktopu se nalazi folder sa nazivom **BIO.JUN1** u kome se nalaze nepotpuni kodovi rešenja zadataka koje treba dopuniti kako bi traženi algoritmi bili implementirani. Folder preimenovati u formatu ime, prezime i alias nalog, npr. *Petar.Petrovic.mi12345* i sve kodove čuvati u preimenovanom folderu dopunjujući nepotpune kodove.

1. Napisati kod *Greedy Sorting* algoritma za pronalazenje najmanjeg broja koraka kako bi se sinteni blokovi doveli u sortirani poredak pohlepnim pristupom.

Primer:

```
P = [+1, -7, +6, -10, +9, -8, +2, -11, -3, +5, +4]
```

Izlaz: 11

2. Napisati kod *Median String* algoritma koji pronalazi mediana sekvencu motiva zadate dužine u skupu DNK sekvenci.

Primer:

```
dna = [  
    'ttaccttAAC',  
    'gATAtctgtc',  
    'ACGgcgttcg',  
    'ccctAAAag',  
    'cgtcAGAggt'  
]
```

```
k = 3
```

Izlaz: 'CCT'

3. Napisati kod *Additive Phylogeny* algoritma za konstrukciju filogenetskog stabla.

Primer:

```
D = [[0, 13, 21, 22],  
     [13, 0, 12, 13],  
     [21, 12, 0, 13],  
     [22, 13, 13, 0]]
```

```
Izlaz: {  
    0: [('X0,1', 11.0)],  
    1: [('X0,1', 2.0)],  
    'X0,1': [(0, 11.0), (1, 2.0), ('XX0,1,2', 4.0)],  
    2: [('XX0,1,2', 6.0)],  
    'XX0,1,2': [('X0,1', 4.0), (2, 6.0), (3, 7.0)],  
    3: [('XX0,1,2', 7.0)]  
}
```

4. Napisati kod *BW Matching* algoritma koji u sekvenci, transformisanoj pomoću BW transformacije, pronalazi broj pojavljivanja zadatog uzorka.

Primer:

```
sequence = 'panamabananas'  
bwt_sequence = 'smnpbnnaaaaa$a'  
pattern = 'ana'
```

Izlaz: 3