## Algorithmische Bioinformatik I

Abgabetermin: Donnerstag, den 30. Juni, vor der Vorlesung

## Aufgabe 1

Sei  $s = s_0 \cdots s_{m-1} \in \Sigma^m$ .

- a) Zeige, wie sich die Z-Werte  $Z_2, \ldots, Z_{p+1}$  ohne Zeichenvergleiche bestimmen lassen, wenn  $Z_1 = p > 0$  gilt.
- b) Zeige, wie sich die Z-Werte  $Z_1$  sowie  $Z_3, \ldots, Z_{p+1}$  mit einem Zeichenvergleich bestimmen lassen, wenn  $Z_2 = p > 0$  gilt.

Hinweis: Begründung nicht vergessen.

## Aufgabe 2

Gegeben sei eine Menge  $S = \{s_1, \ldots, s_\ell\}$  von Zeichenreihen mit  $n = \sum_{i=1}^{\ell} |s_i|$ . Konstruiere einen Algorithmus, mit dem man in Zeit O(n) alle Zeichenreihen  $s_i \in S$  finden kann, die Teilwörter einer anderen Zeichenreihe  $s_j \in S$  sind.

Hinweise: Ein Suffix-Baum kann helfen. Korrektheitsbeweis und Laufzeitanalyse nicht vergessen.

## Aufgabe 3

Eine Zeichenkette  $w' \in \Sigma^*$  ist eine zyklische Rotation einer Zeichenkette  $w \in \Sigma^*$ , wenn es zwei Zeichenketten  $u, v \in \Sigma^*$  gibt, so dass w = uv und w' = vu.

Beispiel: BAUMAST ist eine zyklische Rotation von MASTBAU.

Entwirf einen Algorithmus, der für  $s \in \Sigma^m$  und  $t \in \Sigma^n$  in Zeit O(n+m) feststellt, ob t eine zyklische Rotation von s enthält.

Hinweis: Korrektheitsbeweis und Laufzeitanalyse nicht vergessen.