
Algorithmische Bioinformatik I

Abgabetermin: Donnerstag, den 7. Juli, vor der Vorlesung

Dies ist ein Bonus-Blatt, d.h. dass die erzielten Punkte bei der Zulassung zur Klausur berücksichtigt werden, die zu erzielenden Punkte jedoch nicht.

Aufgabe 1

Für $x, y \in \Sigma^*$ wird eine Sequenz $z \in \Sigma^n$ als *gemeinsame Oberfolge* von x und y bezeichnet, wenn es zwei streng monoton wachsende Folgen $(i_1, \dots, i_{|x|}) \in [1 : n]^{|x|}$ und $(j_1, \dots, j_{|y|}) \in [1 : n]^{|y|}$ gibt, so dass $z_{i_1} \cdots z_{i_{|x|}} = x$ und $z_{j_1} \cdots z_{j_{|y|}} = y$.

Konstruiere einen möglichst effizienten Algorithmus, der für $x, y \in \Sigma^*$ eine *kürzeste* gemeinsame Oberfolge bestimmt. Beweise die Korrektheit und analysiere die Laufzeit.

Aufgabe 2

Seien $s = CCTATG$ und $t = ACGTG$ zwei Sequenzen. Geben Sie alle Zwischenschritte für die Variante von Hirschberg zum globalen Sequenzen Alignment an.

Die Kostenfunktion $w : \overline{\Sigma}_0^2 \rightarrow \mathbb{R}_+$ für das zu verwendende Distanzmaß sei wie folgt gegeben: $w(a, a) = 0$, $w(a, b) = 3$ und $w(a, -) = 2$ für alle $a \neq b \in \Sigma$.

Aufgabe 3

- Lässt sich die Methode von Hirschberg so modifizieren, dass sie für lokale Sequenzen-Alignments verwendet werden kann?
- Lässt sich die Methode von Hirschberg so modifizieren, dass sie für globale Sequenzen-Alignments mit affinen Lücken-Strafen verwendet werden kann?

Hinweis: Begründungen nicht vergessen!

*Bitte nicht vergessen, sich für die Klausur
auch in **TUMonline** anzumelden!*