
Algorithmische Bioinformatik II

Abgabetermin: Donnerstag, den 08. Dezember, vor der Vorlesung

Aufgabe 1

Zeige, dass PTAS-Reduktionen transitiv sind.

Aufgabe 2

Betrachte die Sequenzen $s_1 = \text{TGATA}$, $s_2 = \text{GATAT}$ und $s_3 = \text{ATATC}$. Berechne die C -optimalen Schnittpositionen mit Respekt zu $c_1 = 1$ sowie zu $c_1 = 2$ und die daraus resultierenden mehrfachen Axalignments gemäß des Divide-and-Conquer-Alignment-Algorithmus, wobei nach der ersten Rekursion bereits jeweils ein optimales Alignment für die jeweiligen Präfixe bzw. Suffixe berechnet wird. Die zugrunde liegende Kostenfunktion für das SP-Distanzmaß sei $w(a, a) = 0$ und $w(a, b) = 1$ für alle $a \neq b \in \bar{\Sigma}$.

Aufgabe 3

Betrachte die Erweiterung eines zu einem Baum konsistenten Alignments wie im Induktionsschritt des Beweises von Satz 6.35 im Skript. Gib eine konkrete Datenstruktur für mehrfache Alignments und die zugehörige Implementierung der Erweiterung von Alignments an. Analysiere den Zeitbedarf hierfür möglichst genau.