

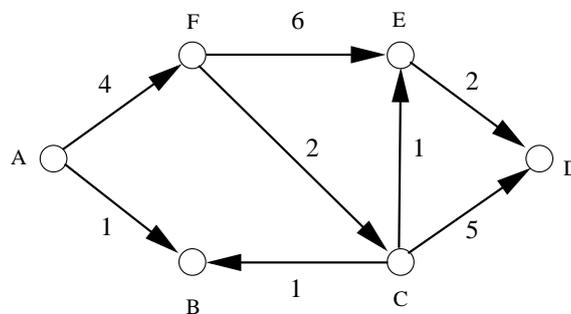
# 4. Übung zur Vorlesung “Einführung in die Bioinformatik I, 2. Teil”

Sommersemester 2016

Prof. Peter Dittrich, Marcus Ludwig

Ausgabe: 28. April 2016,  
Abgabe: 12. Mai 2016 zu Beginn der Übung

**Aufgabe 1 (7 Punkte):** Gegeben ist der folgende gerichtete, gewichtete Graph:



Verwenden Sie Dijkstras Algorithmus, um einen kürzesten Pfad von A nach D zu finden. Beschreiben Sie den Zustand der Datenstrukturen für die Schritte des Algorithmus.

**Aufgabe 2 (3 Punkte):** Wieso kann der Dijkstra-Algorithmus nicht mit negativen Kantengewichten umgehen? Begründen Sie und geben Sie ein Beispiel an, für das der Algorithmus nicht funktioniert.

**Aufgabe 3 (3 Punkte):** Erklären Sie den Unterschied zwischen der Kante  $(u, v)$  in einem gerichteten Graph und der Kante  $\{u, v\}$  in einem ungerichteten Graph? Was ändert sich, wenn man  $u$  und  $v$  vertauscht? Ist  $u = v$  erlaubt?

**Aufgabe 4 (6 Punkte):** Gegeben sind die vier Sequenzen  $s_1 = \text{GGAAT}$ ,  $s_2 = \text{GGACAT}$ ,  $s_3 = \text{ACACT}$  sowie  $s_4 = \text{CACGT}$  und der Leitbaum  $((1, 2), (3, 4))$ . Bestimmen Sie das multiple globale Alignment der vier Sequenzen mit Hilfe des Feng-Doolittle-Verfahrens für die Ähnlichkeitsfunktion  $S(A, A) = 2$ ,  $S(a, a) = 1$  für alle  $a \neq A$ , und  $S(a, b) = -1$  für  $a \neq b$ .

**Aufgabe 5 (6 Punkte):** Überlegen Sie sich ein Beispiel für ein progressives globales Alignment mit drei Sequenzen, bei dem sich mit dem Feng-Doolittle-Verfahren je nach Leitbaum unterschiedliche multiple Alignments ergeben.

**Aufgabe 6 (5 Punkte):** Analysieren Sie Laufzeit und Speicherbedarf des Feng-Doolittle-Verfahrens bei Eingabe von  $k$  Sequenzen der Länge  $n$  und gegebenem Leitbaum.