

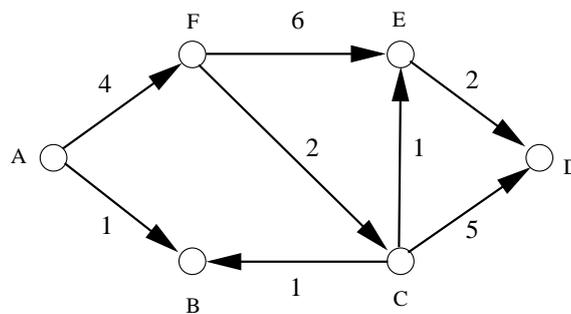
4. Übung zur Vorlesung “Einführung in die Bioinformatik I, 2. Teil”

Sommersemester 2017

Prof. Sebastian Böcker, Marcus Ludwig (m.ludwig@uni-jena.de),
Emanuel Barth (emanuel.barth@uni-jena.de),
Maximilian Collatz (maximilian.collatz@uni-jena.de)

Ausgabe: 27. April 2017,
Abgabe: 04. Mai 2017 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.

Bonusaufgabe (10 Punkte): Implementieren Sie den Smith-Waterman-Algorithmus für lokale Alignments in Python¹ oder Java. Eingabe sind 2 Strings, Ausgabe ein optimales Alignment mit Kosten. Ein kleines Testbeispiel sollte direkt startbar sein.

Benutzen Sie dabei die Ähnlichkeitsfunktion $S : \{A, C, G, T\} \times \{A, C, G, T\} \rightarrow \mathbb{R}$:

- $S(A, A) = 2, S(C, C) = S(G, G) = S(T, T) = 1,$
- $S(C, G) = S(G, C) = 1, S(a, b) = -1$ für alle anderen $a \neq b,$ und
- $S(a, -) = S(-, b) = -1.$

Die Lösungen bitte per Mail schicken.

¹Einige Webseiten zu Python:

- www.activestate.com/activepython/downloads - Guter Installer für Windows
- docs.python.org/tutorial - Ausführliches Tutorial
- ansonsten gibt es unzählige Kurzeinführungen - Google is your friend!