

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

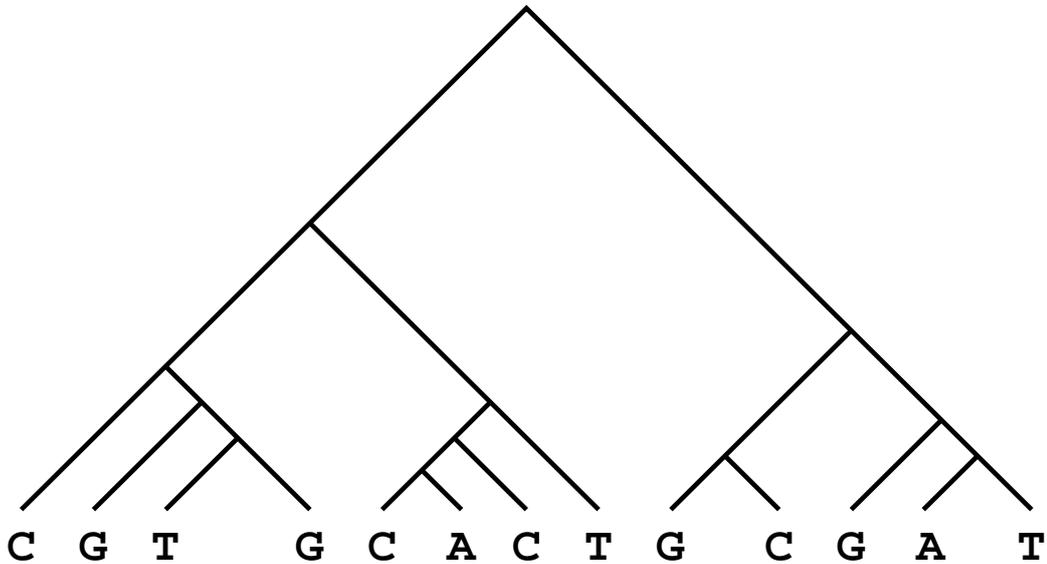
Sommersemester 2014

Sebastian Böcker, Martin Engler

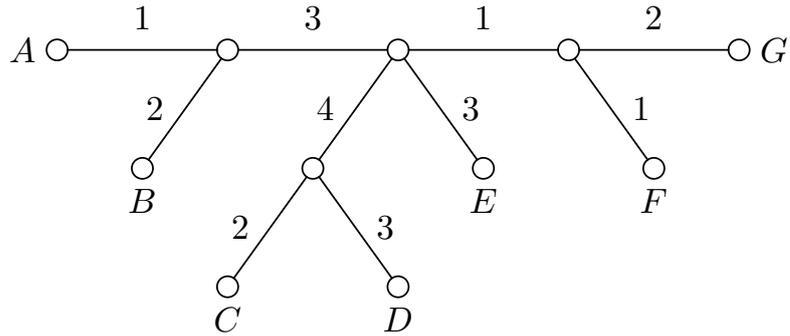
Ausgabe: 22. Mai 2014,
Abgabe: 5. Juni 2014 zu Beginn der Übung

Aufgabe 1 (5 Punkte): Implementieren Sie den Algorithmus von Gotoh (paarweises Alignment mit affinen Gap-Kosten) in Python 2.x (Matrizen P, Q, D). Nehmen Sie Einheitskosten und die Gap-Funktion $g(k) = k + 1$ an. Es sollen die Kosten des optimalen globalen Alignments und mindestens eines der optimalen Alignments ausgegeben werden.

Aufgabe 2 (5 Punkte): Verwenden Sie den Fitch-Algorithmus, um eine maximal sparsame Benennung der inneren Knoten des unten gegebenen Baumes zu finden. Gibt es mehrere optimale Lösungen? Wenn ja, wie viele?



Aufgabe 3 (5 Punkte): Geben Sie die zugehörige Distanzmatrix für den dargestellten additiven Baum an.



Aufgabe 4 (5 Punkte): Beweisen Sie, dass für eine beliebige Metrik $d : X \times X \rightarrow \mathbb{R}$ gilt: $d(x, y) \geq 0$ für alle $x, y \in X$.

Aufgabe 5 (5 Punkte): Überprüfen Sie, ob die folgende Distanzmatrix einer Ultrametrik entspricht, und begründen Sie Ihre Antwort:

A	B	C	D	
0	1	8	5	A
	0	8	5	B
		0	8	C
			0	D

Aufgabe 6 (5 Punkte): Gegeben sei die Distanzmatrix:

A	B	C	
0	6	8	A
	0	5	B
		0	C

Benutzen Sie Neighbor Joining, um einen additiven Baum zu rekonstruieren. Berechnen Sie die zum additiven Baum gehörige Baum-Metrik, und vergleichen Sie sie mit der Eingabematrix.