

6. Übung zur Vorlesung “Bioinformatische Methoden in der Genomforschung”

Sebastian Böcker, Martin Engler

Ausgabe: 10.12.2015

Abgabe: 17.12.2015

Aufgabe 1 (5 Punkte)

Wir definieren die Menge $inv(\pi) = \{(i, j) \in \{1, \dots, n\}^2 \text{ mit } i < j \text{ und } \pi(i) > \pi(j)\}$ auf einer Permutation π . Dann können wir auf der Menge aller n -stelligen Permutationen S_n eine partielle Ordnung angeben. Sei \leq eine Ordnungsrelation für zwei Permutationen $\pi_1, \pi_2 \in S_n$ mit $\pi_1 \leq \pi_2 \leftrightarrow inv(\pi_1) \subseteq inv(\pi_2)$. Stellen Sie die Ordnung der Menge S_4 in einem Hasse-Diagramm graphisch dar: Gilt $\pi_1 \leq \pi_2$ und zusätzlich, dass π_1 aus einer Nachbarvertauschung von π_2 hervor geht (und umgekehrt π_2 aus π_1), so ziehen Sie eine gerichtete Kante von π_2 zu π_1 .

Aufgabe 2 (5 Punkte)

Die Breakpointdistanz zwischen zwei Permutationen π_1, π_2 lässt sich unabhängig von der Identität wie folgt definieren: Sei eine Adjazenz von π_1 nach π_2 ein Punkt zwischen zwei Genen, der sowohl in π_1 also auch in π_2 vorkommt. Sei jeder Punkt in π_1 , der keine Adjazenz von π_1 nach π_2 ist ein Breakpoint von π_1 nach π_2 . Sei $d(\pi_1, \pi_2)$ die Anzahl aller Breakpoints von π_1 nach π_2 .

1. Zeigen Sie, dass $d(\pi_1, \pi_2) = d(\pi_2, \pi_1)$ gilt.
2. Begründen Sie, dass $d(\pi_1, \pi_2) = d(\pi_1^{-1} \circ \pi_2, id)$ gilt, wobei id die Identität ist
3. Begründen Sie, dass $d(\pi, id) = d_B(\pi)$ gilt.

Aufgabe 3 (5 Punkte)

Die Inversionsdistanz $d_R(\pi_1, \pi_2)$ zwischen zwei Permutationen π_1 und π_2 ist die minimale Anzahl an Inversionen, die benötigt wird, um π_1 zu π_2 zu transformieren. Die Breakpointdistanz ist die Anzahl an Breakpoints zwischen π_1 und π_2 . Zeigen Sie dass $d_R(\pi_1, \pi_2) \geq \lceil \frac{d_B(\pi_1, \pi_2)}{2} \rceil$.