

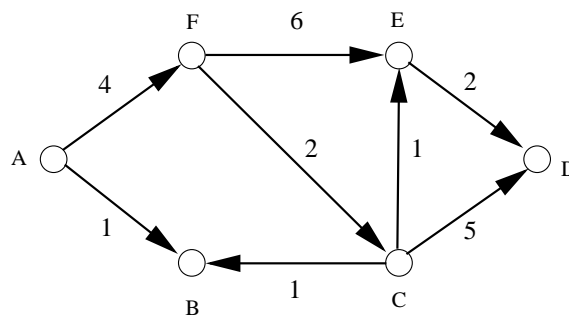
4. Übung zur Vorlesung “Einführung in die Bioinformatik I, 2. Teil”

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.