

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

Sebastian Böcker, Martin Hoffmann

Ausgabe: 25.11.2019

Abgabe: 02.12.2019

**Aufgabe 1** (5 Punkte) Beschreiben Sie die Bedeutung von “Synthenie” für die Genomforschung in eigenen Worten (Definition, Nutzen)

**Aufgabe 2** (5 Punkte) Die Breakpointdistanz zwischen zwei Permutationen  $\pi_1, \pi_2$  lässt sich unabhängig von der Identität wie folgt definieren: Sei eine Adjazenz von  $\pi_1$  nach  $\pi_2$  ein Punkt (siehe VL) der sowohl in  $\pi_1$  also auch in  $\pi_2$  vorkommt. Sei jeder Punkt in  $\pi_1$ , der keine Adjazenz von  $\pi_1$  nach  $\pi_2$  ist ein Breakpoint von  $\pi_1$  nach  $\pi_2$ . Sei  $d(\pi_1, \pi_2)$  die Anzahl aller Breakpoints von  $\pi_1$  nach  $\pi_2$ .

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) Sei  $d_R(\pi_1, \pi_2)$  die Inversions-Distanz zwischen zwei Permutationen  $\pi_1$  und  $\pi_2$ . Zeigen Sie dass  $d_R(\pi_1, \pi_2) \geq \lceil \frac{d_B(\pi_1, \pi_2)}{2} \rceil$ .

**Aufgabe 4** (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  $\pi$ . Dann können wir auf der Menge aller  $n$ -stelligen Permutationen  $S_n$  eine partielle Ordnung angeben. Sei  $\leq$  eine Ordnungsrelation für 2 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  $\pi_1$  aus einer Nachbarvertauschung von  $\pi_2$  hervorgeht (und umgekehrt  $\pi_2$  aus  $\pi_1$ ), so ziehen Sie eine gerichtete Kante von  $\pi_2$  zu  $\pi_1$ .