

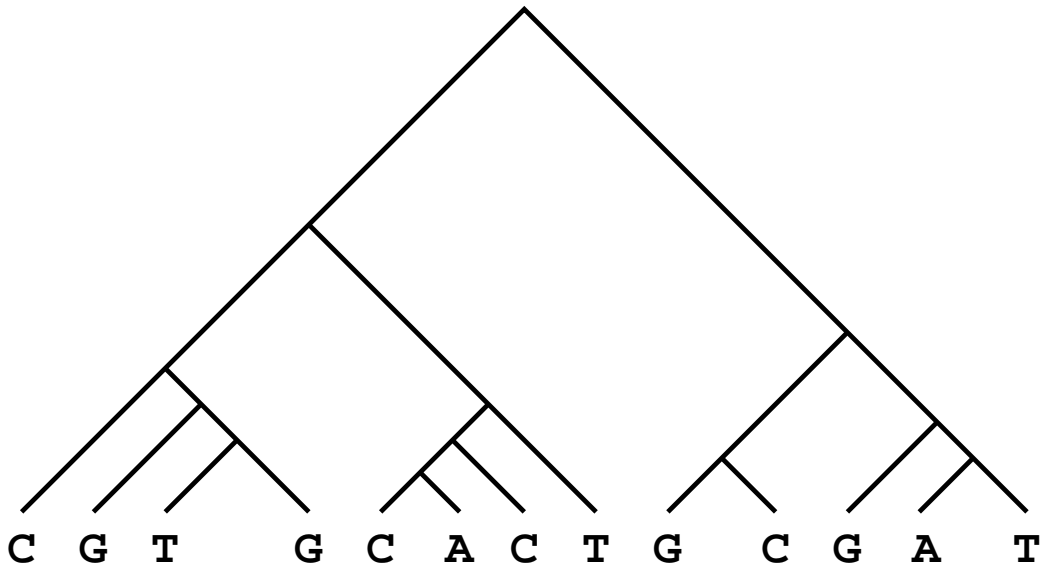
# 6. Übung zur Vorlesung “Einführung in die Bioinformatik I, 2. Teil”

Sommersemester 2020

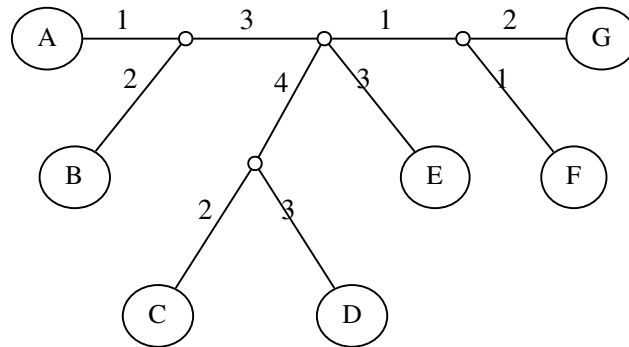
Prof. Peter Dittrich, Marcus Ludwig

Ausgabe: 09. Juni 2020,  
Abgabe: 16. Juni 2020 per Email

**Aufgabe 1 (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 2 (5 Punkte):** Geben Sie die zugehörige Distanzmatrix für den dargestellten additiven Baum an.



**Aufgabe 3 (5 Punkte):** Beweisen Sie, dass für jede beliebige Metrik  $d : X \times X \rightarrow \mathbb{R}$  gilt:  
 $d(x, y) \geq 0$  für alle  $x, y \in X$ .

**Bonusaufgabe (5 Punkte):** Implementieren Sie den Algorithmus von Gotoh (paarweises Alignment mit affinen Gap-Kosten) in Python oder Java (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. Ein kleines Testbeispiel sollte direkt ausführbar sein.