

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

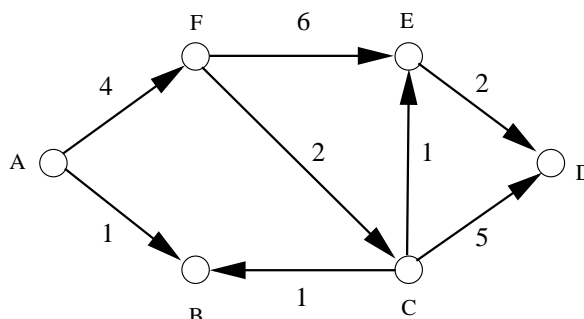
Sommersemester 2021

Prof. Peter Dittrich, Emanuel Barth, Marcus Ludwig

Ausgabe: 06. Mai 2021,

Abgabe: 13. Mai 2021 bis zum 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 (10 Punkte):** Implementieren Sie den Smith-Waterman-Algorithmus für lokale Alignments in Python<sup>1</sup> oder Java. Eingabe sind 2 Strings, Ausgabe ein optimales Alignment mit Kosten. Ein kleines Testbeispiel sollte direkt startbar sein.

Benutzen Sie dabei die Ähnlichkeitsfunktion  $S : \{A, C, G, T\} \times \{A, C, G, T\} \rightarrow \mathbb{R}$ :

- $S(A, A) = 2, S(C, C) = S(G, G) = S(T, T) = 1,$
- $S(C, G) = S(G, C) = 1, S(a, b) = -1$  für alle anderen  $a \neq b,$  und
- $S(a, -) = S(-, b) = -1.$

---

<sup>1</sup>Einige Webseiten zu Python:

- <https://docs.python.org/3/tutorial> - Ausführliches Tutorial
- <https://docs.anaconda.com/anaconda/> - Python mit Paketmanager. Bringt noch viel mehr mit sich, als ihr für die Aufgabe benötigt.
- ansonsten gibt es unzählige Kurzeinführungen - Google is your friend!