

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

Sebastian Böcker, Martin Hoffmann

Ausgabe: 30.11.2021

Abgabe: 6.12.2021

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

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 (siehe VL) 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) Sei $d_R(\pi_1, \pi_2)$ die Inversions-Distanz zwischen zwei Permutationen π_1 und π_2 . Zeigen Sie dass $d_R(\pi_1, \pi_2) \geq \lceil \frac{d_B(\pi_1, \pi_2)}{2} \rceil$.

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 π . 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 π_1 aus einer Nachbarvertauschung von π_2 hervorgeht (und umgekehrt π_2 aus π_1), so ziehen Sie eine gerichtete Kante von π_2 zu π_1 .