Technische Universität München
Institut für Informatik
Lehrstuhl für Effiziente Algorithmen
Volker Heun

SS 2000
Übungsblatt 4
30. Mai 2000

Algorithmen der Bioinformatik

Abgabetermin: 6. Juni

Aufgabe 1

Sei Σ ein Alphabet mit $- \notin \Sigma$, $\Sigma^- := \Sigma \cup \{-\}$ und $\mathbb{R}_0^+ = \{x \in \mathbb{R} : x \geq 0\}$.

Die Funktion $d : \Sigma^- \to \mathbb{R}_0^+$ ist ein *Abstandsmaß*, wenn folgende Bedingungen gelten:

- d ist symmetrisch, d.h. $d(x, y) = d(y, x)$.
- d erfüllt die Dreiecksungleichung, d.h. $d(x, y) \leq d(x, z) + d(z, y)$.
- Für $A := \max\{d(a, a) : a \in \Sigma\}$ und $B := \min\{d(-, -), d(a, b) : a \neq b \in \Sigma^-\}$ gilt $A \leq B$.

Die Funktion $s : \Sigma^- \to \mathbb{R}$ ist ein *Ähnlichkeitsmaß*, wenn folgende Bedingungen gelten:

- s ist symmetrisch, d.h. $s(a, b) = s(b, a)$
- $s(a, a) \geq 0$ für $a \in \Sigma$.
- $s(a, b) \leq 0$ für $a \neq b \in \Sigma$.
- $s(-, -) \leq 0$.

Zeigen Sie, dass man zu jedem Abstandsmaß d ein Ähnlichkeitsmaß s definieren kann, so dass $s(a, b) = C - d(a, b)$ für ein geeignetes $C \in \mathbb{R}_0^+$.

Zeigen Sie, dass man zu jedem Ähnlichkeitsmaß s ein Abstandsmaß d definieren kann, so dass $d(a, b) = D - s(a, b)$ für ein geeignetes $D \in \mathbb{R}_0^+$.

Kann man auf die Bedingung der Symmetrie bei der Definition eines Distanzmaßes bzw. Abstandsmaßes verzichten?

— **Bitte wenden!** —

Aufgabe 2

Modifizieren Sie den Algorithmus von Hirschberg aus der Vorlesung, so dass er auch für das Sequenz-Alignment mit affinen Gap-Funktionen eingesetzt werden kann

Hinweis: Achten Sie beim rückwärtigen Alignment darauf, dass Sie für einen Gap nicht zweimal bezahlen.

Aufgabe 3

Implementieren Sie in `C` den Algorithmus zum globalen Sequenz-Alignment mittels Dynamischer Programmierung. Sie dürfen dabei nur linear viel Speicherplatz verwenden. Verwenden Sie also die Erweiterung von Hirschberg.

Technische Hinweise zu der Programmieraufgabe finden Sie auf der Seite zum Übungsbetrieb: http://www14.in.tum.de/lehre/2000SS/cb/uebung/.