Technische Universität München
Fakultät für Informatik
Lehrstuhl für Effiziente Algorithmen
Dr. Volker Heun

Wintersemester 2001/2002
Übungsblatt 10
9. Januar 2002

Algorithmische Bioinformatik

Abgabetermin: Donnerstag, den 17. Januar (15^{00} Uhr) in der Übung

Aufgabe 1

Gegeben seien 3 Sequenzen $s^1, s^2, s^3 \in \Sigma^*$. Gebe explizit die Rekursionsgleichungen zur Dynamischen Programmierung für ein globales mehrfaches Sequenzen-Alignment an, d.h. vervollständige $D[i,j,k] = \ldots$ für $(i,j,k) \in [0:n_1] \times [0:n_2] \times [0:n_3]$.

Was muss man ändern, wenn man ein semi-globales Alignment berechnen will?

Hinweis: *Die als freiwillig gekennzeichneten Aufgaben werden nicht bewertet und sind für die Klausurzulassung ohne Bedeutung.*

Freiwillige Aufgabe 1

Betrachte das folgende so genannte *All-Against-All-Problem*:

Geg.: $s, t \in \Sigma^*$ mit $|s| = n$ und $|t| = m$, $\vartheta \in \mathbb{R}$ und ein Distanzmaß d.

Ges.: Alle Paare (s', t') mit $d(s', t') \leq \vartheta$, wobei s' bzw. t' ein Teilwort von s bzw. t ist.

Konstruiere einen Algorithmus zur Lösung des All-Against-All-Problems, der auf einem hybriden Verfahren aus Dynamischer Programmierung und Suffix-Bäumen basiert, und analysiere diesen. Die Laufzeit wird dabei auch von der Anzahl der „Treffer“ abhängen:

$$h = |\{(s', t') \mid d(s', t') \leq \vartheta \wedge s' \sqsubseteq s \wedge t' \sqsubseteq t\}|.$$

Hierbei gilt $s' \sqsubseteq s$, wenn s' ein Teilwort von s ist.

Freiwillige Aufgabe 2

Beweise oder widerlege: Ein optimales mehrfaches Sequenzen-Alignment bezüglich des Sum-Of-Pair-Maßes induziert mindestens ein optimales paarweises Sequenzen-Alignment.

Viel Glück und Erfolg im neuen Jahr $7^4 - 7^3 - 7^2 - 7^1$