

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik

Nulltes Übungsblatt WS 13/14

Name: _____ Übungsgruppe: A B C

Matrikelnummer: _____

Niveau I

Aufgabe 1: Kapitel 1 des Buches *Sequence Comparison*

Lesen Sie das einführende Kapitel des Buches und beantworten Sie die folgenden Fragen:

- Was ist lokales Alignment? Und warum braucht man es?
- Warum will man Gaps in Alignments nicht mit einer linearen Straffunktion belegen?

Aufgabe 2: Computational Thinking

Lesen Sie den Artikel *Computational Thinking* von Jeannette Wing.

Reflektieren Sie über die von Frau Wing beschriebenen sieben Charakteristiken des Computational Thinking. Beschreiben Sie (auf ca. einer halben Seite) die beiden, welche Sie am meisten ansprechen oder überrascht haben (z.B. „So habe ich das noch nie gesehen“).

Niveau II

Aufgabe 3:

In der ersten Vorlesung werden wir uns mit String Matching befassen. Das Problem ist es alle Vorkommen des Pattern $P = p_1 \dots p_m$ der Länge m in einem Text $T = t_1 \dots t_n$ zu finden.

Geben Sie einen trivialen Algorithmus dazu in Pseudocode an. Wie ist die Worst-Case-Laufzeit dieses Algorithmus? Für welche Eingabe wird der Worst-Case erreicht?

Programmieraufgabe

Noch keine. Finden Sie sich in Gruppen von 1-3 Teilnehmern zusammen und tragen Sie sich im Wiki ein. <https://www.mi.fu-berlin.de/w/ABI/AlDaBiWS13>