Prof. Dr. Knut Reinert Kathrin Trappe René Rahn Kathleen Gallo Thomas Krannich



Institut für Informatik AG Algorithmische Bioinformatik

## Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik Vierte Praktikumsaufgabe WS 12/13

Abgabe Montag, 21.01., 15:00 Uhr

## MSA: C-optimale Schnittpositionen

Implementieren Sie den Branch-and-Bound Algorithmus zum Finden eines k-Tupels von C-optimalen Schnittpositionen für Sequenzen  $s_1, \ldots, s_k$ . Schreiben Sie dazu ein Program, das:

- k Sequenzen einliest
- $c2, \ldots, c_k$  gegeben  $c_1 = \lceil n_1/2 \rceil$  berechnet und ausgibt (2 Punkte)
- die multiple additional cost von  $c_1, \ldots, c_k$  berechnet und ausgibt (1 Punkt)

Für jedes Paar von Sequenzen sollen dabei die Matrizen D,  $D^{rev}$  und C berechnet werden (3 **Punkte**). Die Sequenzen werden Ihrem Programm als k Kommandozeilenparameter übergeben. Ausgegeben werden sollen der Wert des minimalen multiple additional cost und ein k-Tupel  $c_1, \ldots, c_k$  von Schnittpositionen, an dem dieser Wert angenommen wird.

## Beispiel:

```
ktrappe@peking:~$ ./aufgabe6 CT AGT G
0
1,2,1
```

**Zusatz:** Zusätzlich kann die Iteration über die Schnittposition  $c_1$  parallelisiert werden (2 extra Punkte).

## Hinweise:

• Verwenden Sie das Levenshtein-Kostenschema.

- Achtung: In dieser Aufgabe werden Kosten minimiert (nicht Scores maximiert), der Needleman-Wunsch (aus P3) lässt sich aber mit geringen Änderungen anpassen.
- Eine Schnittposition ist die Länge der Sequenz links vom Schnitt.
- Setzen Sie alle paarweisen Gewichte  $w_{i,j}$  auf 1.

Beachten Sie die Praktikumshinweise unter https://www.mi.fu-berlin.de/w/ABI/AlDaBiWS12.