

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



Institut für Informatik  
AG Algorithmische Bioinformatik

## Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik

### Drittes Übungsblatt WS 12/13

Abgabe Freitag, 09.11., 15:00 Uhr

Name: \_\_\_\_\_ Übungsgruppe: A  B  C

Matrikelnummer: \_\_\_\_\_

Niveau I

#### Aufgabe 1: Needleman-Wunsch Algorithmus für DNA-Sequenzen

Berechnen Sie für die Sequenzen  $S = \text{gtac}$  (horizontal) und  $T = \text{agcta}$  (vertikal) ein globales Alignment nach dem Algorithmus von Needleman-Wunsch.

Ein Match trägt 3 zum Score des Alignments bei, ein Mismatch  $-5$  und ein Space  $-2$ .

- Berechnen Sie die DP-Matrix, und
- tragen Sie dabei jeweils *alle* Traceback-Kanten ein (also eventuell mehrere pro Zelle).
- Heben Sie *die beim Traceback benutzten* Kanten besonders hervor, und
- notieren Sie das resultierende *globale Alignment*.

#### Aufgabe 2: Needleman-Wunsch Algorithmus für Protein-Sequenzen

Berechnen Sie für die Sequenzen  $S = \text{LILA}$  (horizontal) und  $T = \text{RILKA}$  (vertikal) ein globales Alignment nach dem Algorithmus von Needleman-Wunsch.

- Suchen Sie im Internet nach der PAM120-Matrix (z.B. <http://www.behav.org/gene/bio-info/pam120.jpg>) und nehmen Sie zusätzlich eine Gap Penalty von  $-4$  an.
- Führen Sie die Schritte a) bis d) wie bei Aufgabe 1 aus.

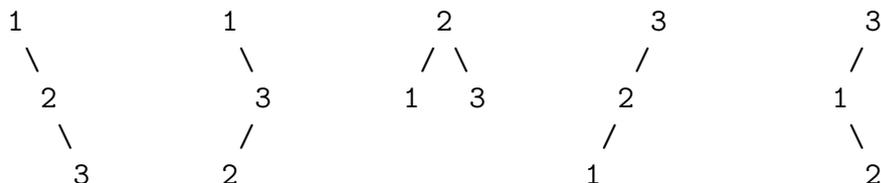
---

## Niveau II

---

### Aufgabe 3: Dynamische Programmierung

Wie viele verschiedene binäre Suchbäume mit den Schlüsseln  $1 \dots n$  gibt es? Für  $n = 3$  gibt es beispielsweise 5 verschiedene solcher Suchbäume:



- Geben Sie eine rekursive Berechnungsvorschrift der Zahl  $T(n)$  an. Nutzen Sie  $T(0) = T(1) = 1$  als Rekursionsanker.
- Skizzieren Sie einen Algorithmus, der dynamische Programmierung nutzt um  $T(n)$  zu bestimmen.
- Was ist dessen Laufzeit?

Zur Erinnerung: Ein binärer Suchbaum ist ein echter Binärbaum (jeder Knoten hat genau zwei Kinder oder ist ein Blatt) mit der Eigenschaft, dass alle Elemente im linken Teilbaum eines Knotens  $x$  kleiner oder gleich  $x$  sind und alle Elemente im rechten Teilbaum größer oder gleich  $x$  sind.

Tipp zu (a): Jedes der  $n$  Elemente kann die Wurzel des Suchbaums sein und durch die Sucheigenschaft werden die restlichen Elemente auf die beiden Teilbäume darunter verteilt.