

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



Institut für Informatik
AG Algorithmische Bioinformatik

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik

Fünftes Übungsblatt WS 12/13

Abgabe Freitag, 23.11., 15:00 Uhr

Name: _____ Übungsgruppe: A B C

Matrikelnummer: _____

Niveau I

Aufgabe 1: Banded Alignment

Bilden Sie ein *k-band-Alignment* der beiden Sequenzen $S_1 = \text{GAGTC}$ und $S_2 = \text{GGACT}$. Benutzen Sie als Parameter k zuersts 0, danach 1. Scores : Match 5, Mismatch -4 und Gap -3 .

Niveau II

Aufgabe 2: Hirschberg-Algorithmus

Gegeben sei die Funktion

```
int AlignmentPos(int aStart, int aEnd, int bStart, int bEnd);
```

die ein globales zwischen $A_{aStart, aEnd}$ und $B_{bStart, bEnd}$ (ohne Traceback) berechnet (d.h. zwischen zwei Teilsequenzen von A und B , die durch die gegebenen Indizes begrenzt sind).

Wie man in Abbildung 1 sehen kann, läuft das optimale Alignment durch den Punkt (x, y) . x ist fest gegeben als $x = \lfloor \frac{aEnd - aStart}{2} \rfloor$. y ergibt sich dann automatisch durch das Alignment. Die Funktion `AlignmentPos` gibt diesen Wert y zurück.

Gesucht ist eine rekursive Funktion, die Divide-And-Conquer anwendet, um mithilfe der obigen Funktion das komplette Alignment der Sequenzen A und B zu berechnen (siehe Hirschberg-Algorithmus, Skript S. 3022–3024).

Hinweis: Um die *formatierte Ausgabe* des Alignments müssen Sie sich keine Gedanken machen. Das Problem lässt sich dann rekursiv in drei Zeilen Pseudocode lösen.

