

18. Oktober 2006

Abgabe: 25. Oktober 2006

Aufgabe 1: Installieren Sie auf dem Computer, mit dem Sie am liebsten arbeiten, einen Compiler für C++ oder Java und übersetzen Sie damit ein Programm, das „Hallo Welt!“ ausgibt. Dokumentieren Sie, was Sie dafür tun mussten.

Aufgabe 2: Implementieren Sie in C, C++ oder Java den Needleman-Wunsch-Algorithmus für das globale Alignment zweier DNA-Sequenzen und erproben Sie anhand von simulierten und echten biologischen Sequenzen wie die Ergebnisse von der mismatch-, der gap-open- und der gap-extension-penalty abhängen.

Aufgabe 3: In manchen Sequenz-Datensätzen gibt es viele sehr kurze Gaps und einige sehr lange. Erläutern Sie, inwiefern dies durch die Gap-Penalty-Funktion

$$\gamma(g) = \min\{d_1 + e_1 \cdot (g - 1), d_2 + e_2 \cdot (g - 1)\}$$

mit $d_2 < d_1$ und $e_1 < e_2$ berücksichtigt wird und finden Sie einen Algorithmus, der ein optimales globales Alignment zweier Sequenzen der Längen n und m mit dieser Gap-Penalty in Zeit $O(nm)$ berechnet.