
Algorithmische Bioinformatik I

Abgabetermin: Mittwoch, den 10. Juli, vor der Vorlesung

Aufgabe (Notenbonus) 1

Sei $s = s_0 \cdots s_{m-1} \in \Sigma^m$.

- Zeige, wie sich die Z-Werte Z_2, \dots, Z_{p+1} ohne Zeichenvergleiche bestimmen lassen, wenn $Z_1 = p > 0$ gilt.
- Zeige, wie sich die Z-Werte Z_1 sowie Z_3, \dots, Z_{p+1} mit einem Zeichenvergleich bestimmen lassen, wenn $Z_2 = p > 0$ gilt.

Hinweis: Begründungen nicht vergessen.

Aufgabe (Notenbonus) 2

Gegeben sei eine Menge $S = \{s_1, \dots, s_\ell\}$ von Zeichenreihen mit $n = \sum_{i=1}^{\ell} |s_i|$. Konstruiere einen Algorithmus, mit dem man in Zeit $O(n)$ alle Zeichenreihen $s_i \in S$ finden kann, die Teilwörter einer anderen Zeichenreihe $s_j \in S$ sind.

Hinweise: Ein Suffix-Baum kann helfen. Korrektheitsbeweis und Laufzeitanalyse nicht vergessen.

Aufgabe 3

Eine Zeichenkette $w' \in \Sigma^*$ ist eine *zyklische Rotation* einer Zeichenkette $w \in \Sigma^*$, wenn es zwei Zeichenketten $u, v \in \Sigma^*$ gibt, so dass $w = uv$ und $w' = vu$.

Beispiel: BAUMAST ist eine zyklische Rotation von MASTBAU.

Entwirf einen Algorithmus, der für $s \in \Sigma^m$ und $t \in \Sigma^n$ in Zeit $O(n + m)$ feststellt, ob t eine zyklische Rotation von s enthält.

Hinweis: Korrektheitsbeweis und Laufzeitanalyse nicht vergessen.

Am Dienstag, den 9. Juli findet um 16 Uhr c.t. im Hörsaal E006 im Hauptgebäude der LMU eine Informationsveranstaltung für Studierende der Bioinformatik zum Hauptstudium (5. und 6. Fachsemester) im Bachelor und zum Übergang in den Master Bioinformatik statt.