Übungen zum Sequenzanalyse-Praktikum

Universität Bielefeld, SoSe 2013
Prof. Dr. Jens Stoye · M.Sc. Stefan Jannsen · B.Sc. Linda Sundermann http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2013summer/SequaPrak praktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE

Übungsblatt 1 vom 12.04.2013 Abgabe per E-Mail bis Mittwoch, den 17.04.2013

Folgende Programmieraufgaben sollen in Java erfolgen. Sie sollen einer einzigen Java-Klasse abgegeben werden, die der Betreuer nur noch zu kompilieren braucht. Beim Ausführen der Klasse sollen direkt alle geforderten Ergebnisse ausgegeben werden.

Aufgabe 1 (Fakultät und Bionomialkoeffizient)

Implementiere Funktionen, die die Fakultät einer Zahl und den Bionomialkoeffzienten zweier nichtnegativer ganzer Zahlen berechnen können. Teste deine Funktionen mit den Zahlen von 1 bis 3.

Aufgabe 2 (Anzahl globaler Alignments)

Implementiere Funktionen, die die folgenden Anzahlen an globalen Alignments zweier Strings berechnen: alle <u>mit</u> Betrachtung der Reihenfolge von konsekutiven Indels exakt (ohne Rekursion) und approximativ, alle <u>ohne</u> Betrachtung der Reihenfolge von konsekutiven Indels exakt und approximativ. Nutze dazu die im Seminar besprochenen Formeln N(m,n) (exakt und approximativ) und N'(m,n) (exakt und approximativ). Die Formeln findest du auch im Sequenzanalyse-Skript auf den Seiten 41 bis 44.

- Berechne die Werte für $m=n\in\{1,5,10,20,50,100\}$ und stelle die Werte grafisch gegenüber.
- Treten bei deiner Berechnung Probleme auf? Woran liegt das? Schreibe deine Funktionen so um, dass du die Werte berechnen kannst.

Aufgabe 3 (Rekursive Berechnung der Anzahl globaler Alignments)

Implementiere eine Funktion, die die Anzahl an globalen Alignments zweier Strings mit Betrachtung der Reihenfolge konsekutiver Indels rekursiv berechnet. Die Formel wurde im Seminar besprochen und ist im Sequenzanalyse-Skript auf Seite 42 wiederzufinden.

- Gib die Werte für alle Kombinationen von Strings der Länge 0 bis 4 an.
- Vergleiche nun die Laufzeitwerte der beiden exakten Berechnungen für die Anzahl an globalen Alignments mit Betrachtung der Reihenfolge konsekutiver Indels für m = n = 13.