Dr. Gunnar Klau
Institut für Mathematik II
AG Mathematik in den Lebenswissenschaften

Freie Universität Berlin

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik
Dritte Programmieraufgabe WS 05/06

Code Review am Dienstag, den 14. Februar 2006

Verspätete Abgaben werden nicht berücksichtigt. Sie dürfen in Gruppen von maximal drei Personen zusammenarbeiten.

Drucken Sie Ihren Programmcode aus und geben Sie ihn mit ab.

Name:		Matrikelnummer:		
Übungsgruppe:	10-12 R111 ☐	10-12 R114 ☐	14-16 R126 ☐	16-18 R111 ☐
Name:		Matrikelnummer:		
Übungsgruppe:	10-12 R111 ☐	10-12 R114 ☐	14-16 R126 ☐	16-18 R111 ☐
Name:		Matrikelnummer:		
Übungsgruppe:	10-12 R111 ☐	10-12 R114 ☐	14-16 R126 ☐	16-18 R111 ☐

Multiples Sequenzalignment **8 Punkte**

Implementieren Sie einen multiplen Sequenzalignmentalgorithmus für drei Sequenzen s_1, s_2 und s_3 und zwar **entweder**

- mittels dynamischer Programmierung. Hierbei soll der Platzbedarf in $O((|s_1| + |s_2| + |s_3|)^2)$ liegen, Sie brauchen aber nur den besten Score und nicht das Alignment auszugeben[1].
- **oder** den *center star*–Approximationsalgorithmus von Gusfield[2].

Ihr Algorithmus soll drei Sequenzen im FastA–Format sowie eine Bewertungsmatrix (Format wie bei Programmieraufgabe 2) einlesen und das berechnete Alignment bzw. dessen Score ausgeben.

[1] Welchem Algorithmus aus der Vorlesung entspricht das im paarweisen Fall?
[2] Hier soll allerdings das multiple Alignment ausgegeben werden.