

BIOINFORMATICA
Compito scritto del 14 Gennaio 2008

- 1) Si trovi, motivando la risposta, il miglior allineamento multiplo a stella tra le quattro sequenze $s_1=AAA$, $s_2=AAT$, $s_3=AGA$, $s_4=CAA$, utilizzando come score per la edit distance -2 per gli indel, 1 per i match, e -1 per i mismatch.

- 2) Si concepisca un algoritmo efficiente che risolva il seguente problema, senza usare vettori di appoggio (si possono usare variabili di appoggio e/o la funzione $swap(i,j)$ che scambia $A[i]$ e $A[j]$ e/o la funzione $x \bmod y$ che restituisce il resto della divisione di x per y):

INPUT: un vettore A di n numeri interi.

OUTPUT: lo stesso vettore con i numeri eventualmente cambiati di posto in modo tale da avere prima tutti i numeri pari e poi tutti i numeri dispari.

- a) Si descriva a parole, il piu' possibile rigorosamente e sinteticamente, l'algoritmo concepito.
 - b) Se ne scriva lo pseudocodice.
 - c) Si valuti la complessita' dell'algoritmo proposto, motivando la risposta.
-
- 3) Si mostri il suffix tree della sequenza $s=TATTA$.