

BIOINFORMATICA
Compito scritto del 16 Giugno 2008

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

2) Si consideri il seguente problema computazionale:

INPUT: un vettore A di n bit.

OUTPUT: la soma degli elementi del vettore.

1. Si descriva a parole, il piu' possibile rigorosamente ma sinteticamente, un algoritmo efficiente che risolva il problema posto.
2. Se ne scriva lo pseudocodice.
3. Se ne analizzi la complessita' motivando la risposta.
4. Si ripetano i passi 1 e 3 (non necessariamente il 2) assumendo che il vettore A sia ordinato.

3) Si mostri il suffix tree della sequenza $s=GTTCAACTC$.