

BIOINFORMATICA
Compito scritto del 27 Marzo 2008

- 1) Si mostri la matrice di allineamento delle sequenze $s_1 = \text{TACATT}$, $s_2 = \text{TAATA}$, utilizzando come score per la edit distance -2 per gli indel, 1 per i match, e -1 per i mismatch.
- a) Qual'è lo score dell'allineamento ottimo?
 - b) Si mostri un allineamento ottimo.

- 2) Si concepisca un algoritmo efficiente che risolva il seguente problema:

INPUT: un vettore A di n bit.

OUTPUT: il numero di volte in cui compaiono due bit uguali in posizioni consecutive.

- a) Si descriva a parole, il più possibile rigorosamente e sinteticamente, l'algoritmo concepito.
 - b) Se ne scriva lo pseudocodice.
 - c) Si valuti la complessità dell'algoritmo proposto, motivando la risposta.
- 3) Si mostri i passi DELLA PRIMA ITERAZIONE (interamente, fino alla nuova matrice delle distanze) dell'algoritmo di neighbor joining per il calcolo dell'albero filogenetico per la seguente matrice delle distanze:

	A	B	C	D
A	0			
B	1	0		
C	15	15	0	
D	17	17	17	0

