

**MO640 – Biologia Computacional**  
**Segundo Semestre de 2014**  
**Quarta Lista de Exercícios**

1. Mostre que o algoritmo guloso para o problema de Ordenação de Panquecas é um algoritmo de aproximação com fator 4.
2. Mostre um algoritmo de aproximação com fator 3 para o problema de Ordenação de Panquecas.
3. A distância de reversão entre genomas é uma métrica? Justifique sua resposta.
4. Nos dois casos listados abaixo, identifique qual o genoma  $\pi'$ , tal que  $((((\pi \cdot \rho_1) \cdot \rho_2) \dots) \cdot \rho_t) = \sigma$  e  $((((\pi' \cdot \rho_1) \cdot \rho_2) \dots) \cdot \rho_t) = \iota$  e  $d(\pi, \sigma) = d(\pi') = t$ .

a. Genomas sem orientação de genes:

$$\pi = (6, 5, 7, 2, 4, 1, 3)$$

$$\sigma = (7, 2, 5, 3, 6, 1, 4)$$

b. Genomas com orientação de genes:

$$\pi = (-8, -6, +4, +2, -1, +3, -5, +7)$$

$$\sigma = (-1, +2, -3, -4, -5, +6, -7, -8)$$

5. Ordene usando o número mínimo possível de reversões o genoma (sem orientação de genes)  $\pi = (5, 2, 7, 4, 1, 6, 3)$ . Justifique sua resposta.
6. Escreva o pseudocódigo de uma adaptação do algoritmo Insertion Sort de tal forma que todas as trocas de elementos sejam feitas através de reversões. Qual a complexidade deste algoritmo adaptado? Quantas reversões, no pior caso, são necessárias para ordenar qualquer permutação de tamanho  $n$ , usando este algoritmo?
7. Prove ou forneça um contra-exemplo para a seguinte afirmação:  
Seja  $\pi$  um permutação que representa um genoma sem orientação conhecida dos genes. Se  $(\pi_i, \pi_{i+1})$  e  $(\pi_j, \pi_{j+1})$  são adjacências, então  $\Delta_b(\pi, \rho(i+1, j)) > 0$ .
8. Considere a permutação  $\pi = (-4, +5, +2, -1, -6, +3)$ , que representa um genoma com orientação conhecida dos genes em relação a permutação identidade. Quais são os pares orientados de  $\pi$ ? Quais são as reversões orientadas de  $\pi$ ? Qual o *score* de cada uma das reversões orientadas de  $\pi$ ?
9. Quais são os *framed intervals* e os *hurdles* da permutação:

$$\pi = (+2, +1, +3, +6, +4, +7, +5, +8, +10, +9, +11, +14, +12, +13)$$

10. Usando o algoritmo de  $O(\lg^2 n)$ -aproximação, calcule o custo de ordenação da permutação abaixo, considerando reversões ponderadas pelo tamanho do segmento revertido:

$$\pi = (9, 1, 8, 2, 7, 3, 6, 5, 4)$$

Para esta permutação, o custo obtido pelo algoritmo é ótimo? Justifique sua resposta.