

MO640 – Biologia Computacional
Segundo Semestre de 2017
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 π' , 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 π um permutação que representa um genoma sem orientação conhecida dos genes. Se (π_i, π_{i+1}) e (π_j, π_{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 π ? Quais são as reversões orientadas de π ? Qual o score de cada uma das reversões orientadas de π ?
9. Quais são os *framed intervals* e os *hurdles* da permutação:

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