

Matricola

Nome e Cognome

Elementi di Bioinformatica, 09/09/2020

Rispondere a 3 delle 4 seguenti domande.

1. Descrivere l'algoritmo per calcolare l'allineamento ottimale *globale* di due stringhe quando un gap può avere costo lineare. [11 punti]
2. Descrivere l'algoritmo di UPGMA per la ricostruzione di filogenesi. [10 punti]
3. Descrivere l'algoritmo lineare per ottenere il suffix tree a partire da suffix array e array LCP [10 punti]
4. Descrivere l'algoritmo di Karp-Rabin per il pattern matching. [9 punti]