

Matricola

Nome e Cognome

Elementi di Bioinformatica, 24/06/2020

Rispondere a 3 delle 4 seguenti domande.

1. Descrivere l'algoritmo per calcolare l'allineamento ottimale *locale* di due stringhe quando un gap può avere costo arbitrario. [11 punti]
2. Descrivere l'algoritmo di Neighbor-Joining per la ricostruzione di filogenesi. [10 punti]
3. Descrivere l'algoritmo lineare per calcolare la sottostringa più lunga di 2 stringhe. [10 punti]
4. Descrivere l'algoritmo per il calcolo dell'allineamento con banda di 2 sequenze. [9 punti]