

Ingo Wegener / Martin Sauerhoff
Peter Bollweg, Stefan Droste,
Eike Riedemann, Thomas Wilk,
Holger Willebrandt

Dortmund, 3. Juli
Abgabe: 9. Juli, 12:00

Übungen zur Vorlesung
Datenstrukturen, Algorithmen und Programmierung 2 (DAP2)
Sommersemester 2007

Blatt 13

Die Aufgaben auf diesem Blatt werden nicht zur Scheinvergabe herangezogen. Ihre Bearbeitung ist eine gute Vorbereitung auf die Klausur!

Aufgabe 13.1 (5 Punkte)

Eine Funktion $f : \{0, 1\}^n \rightarrow \mathbb{R}^+$ heißt *unimodal*, wenn es für jeden Punkt $x \in \{0, 1\}^n$, der nicht den maximalen f -Wert hat, einen Punkt $y \in \{0, 1\}^n$ mit Hammingabstand 1 zu x und $f(y) > f(x)$ gibt. Die Anzahl der verschiedenen Funktionswerte einer Funktion $f : \{0, 1\}^n \rightarrow \mathbb{R}$ nennen wir $N(f)$. Finde für eine unimodale Funktion f eine fitness-basierte Partition von $\{0, 1\}^n$ in $N(f)$ Mengen und zeige mit ihrer Hilfe eine obere Schranke für die erwartete Laufzeit des (1+1)-EA auf unimodalen Funktionen.

Hinweis: Die nächsten drei Aufgaben stammen aus der DAP2-Klausur 2005:

Aufgabe 13.2 (10 Punkte)

Beschreibe die effiziente UNION-FIND-Datenstruktur auf n Daten, die UNION-Operationen besonders unterstützt. Beschreibe die Durchführung von FIND und UNION. Wie tief kann ein Baum mit n Daten in dieser Datenstruktur maximal werden (mit Beweis)? Was ist Pfadkompression?

Aufgabe 13.3 (10 Punkte)

Gib eine vollständige Definition von 2-3-Bäumen an. In welchem Intervall bewegt sich die Tiefe von 2-3-Bäumen mit n Daten (ohne Beweis)? Beschreibe die Prozedur DELETE. Gib ihre worst-case Rechenzeit an.

Aufgabe 13.4 (10 Punkte)

Beschreibe das Problem der Berechnung optimaler Alignments und einen effizienten Algorithmus zur Lösung des Problems. Welche algorithmische Methode kommt dabei zum Einsatz? Wie erhält man ein optimales Alignment und nicht nur seinen Wert? Beweise seine Korrektheit und analysiere Rechenzeit und Speicherplatz. Wo liegen Probleme bei der Anwendung in der Molekularbiologie?