

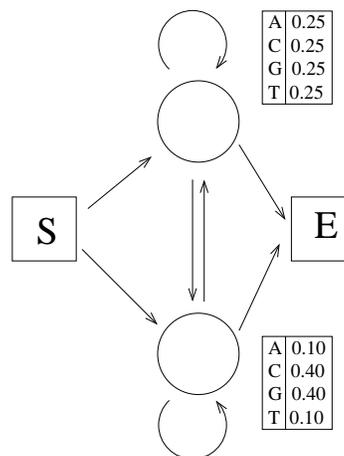


## Blatt 11

**Aufgabe 11.1** Betrachten Sie das Beispiel-HMM aus der Vorlesung.

Die Übergangswahrscheinlichkeiten  $C_{l,j}$  seien:

		$j$			
		S	1	2	E
$l$	S	0	0.5	0.5	0
	1	0	0.6	0.3	0.1
	2	0	0.3	0.6	0.1
	E	0	0	0	1



- Geben Sie formal ein äquivalentes HMM **ohne** Start- und Endzustand an.
- Wieviele mögliche Pfade können (für beide Varianten der HMM) zur Erzeugung der Sequenz  $\vec{x} = \text{AGT}$  führen.
- Geben Sie die Formeln zur Berechnung der Wahrscheinlichkeiten  $P(\pi, \vec{x} | \vec{\theta})$  und  $P(\vec{x} | \vec{\theta})$  an und ermitteln Sie die Werte für  $\vec{x} = \text{AGT}$ .
- Wieviele mögliche Pfade führen zur Erzeugung einer (beliebigen) Sequenz  $\vec{x}$  der Länge  $L'(\vec{x})$ .

**Aufgabe 11.2** Nehmen Sie sich noch einmal die Übungszettel mit den Aufgaben zur Vorlesung Algorithmen der Bioinformatik II vor, die in diesem Semester gestellt wurden. Welche der Aufgaben haben Ihnen zur Vertiefung und zum Verständnis des Vorlesungsstoffs besonders geholfen? Welche Aufgaben fanden Sie weniger hilfreich oder gänzlich unnützlich? Zu welchen Teilen aus der Vorlesung hätte es mehr Aufgaben geben sollen? Wo gab es zu viele oder zu wenige Theorie-/Praxisaufgaben?

Vielen Dank für die Rückmeldung!