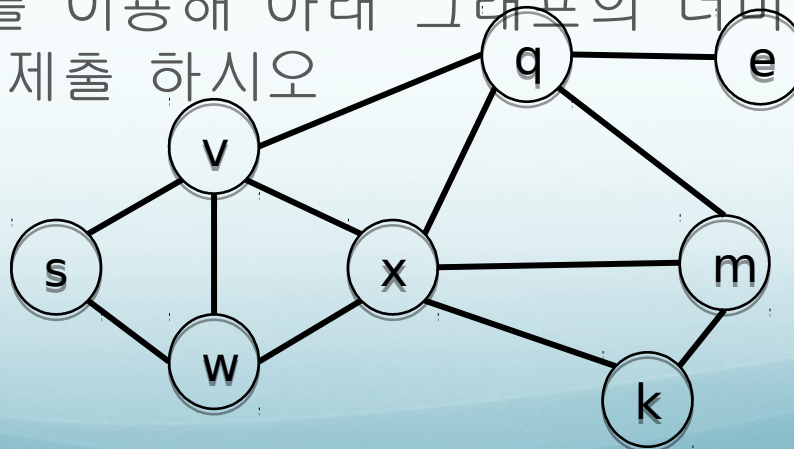


그래프 알고리즘

Practice 9

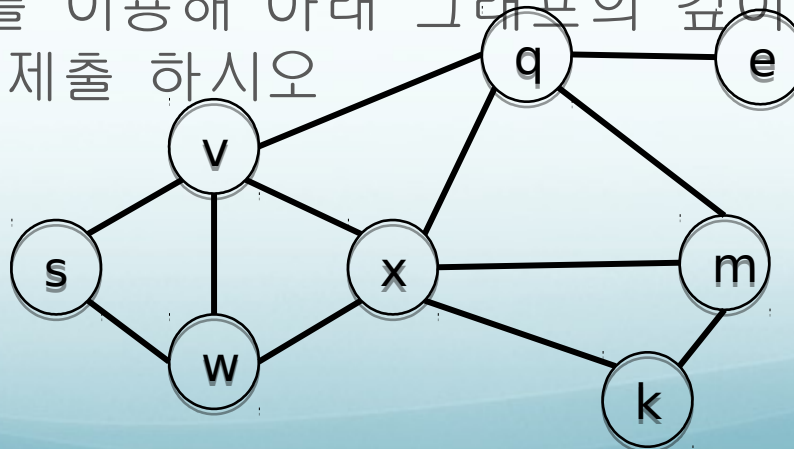
문제 1. 너비우선 탐색

- 다음 그래프에 대해 너비 우선 탐색을 해보시오
 - 너비우선 탐색을 해보고 결과로 나오는 너비우선(탐색) 트리를 그리시오. 탐색은 노드 s로 부터 시작되고 탐색 결과로 나온 트리 각 노드 밑에 s로 부터의 탐색 거리를 적으시오.
 - 너비 우선 탐색을 하고 탐색되는 순서대로 노드를 출력하는 코드를 구현하시오.
 - 작성한 코드를 이용해 아래 그래프의 너비 우선 탐색결과를 캡처해 제출 하시오



문제 2. 깊이우선 탐색

- 다음 그래프에 대해 깊이 우선 탐색을 해보시오
 - 깊이우선 탐색을 해보고 결과로 나오는 깊이우선(탐색) 트리를 그리시오. 탐색은 노드 s로 부터 시작되고 탐색 결과로 나온 트리 각 노드 밑에 s로 부터의 탐색 거리를 적으시오.
 - 깊이 우선 탐색을 하고 탐색되는 순서대로 노드를 출력하는 코드를 구현하시오.
 - 작성한 코드를 이용해 아래 그래프의 깊이 우선 탐색결과를 캡처해 제출 하시오



문제 3. Hamiltonian path VS Eulerian path

- 다음 spectrum 에 대한 SBH problem 을 hamiltonian path approach 와 eulerian path approach 를 이용하여 구해 보시오

$S = \{AGT, AAA, ACT, AAC, CTT, GTA, TTT, TAA\}$

- Construct the graph with 8 vertices corresponding to these 3-mers (Hamiltonian path approach) and find a Hamiltonian path (7 edges) which visits each vertex exactly once. Write the string you got from the Hamiltonian path (여러개일 경우 전부 적을 것).
- Construct the graph with 8 edges corresponding to these 3-mers (Eulerian path approach) and find an Eulerian path (8 edges) which visits each edge exactly once. Write the string you got from the Hamiltonian path (여러개일 경우 전부 적을 것).

문제 4. Re-sequencing problem

- Trivial Algorithm의 시간 복잡도
 - 3,000,000,000 length genome (N)
 - 300,000,000 reads to map (M)
 - Reads are of length 30 (L)
 - Number of mismatches allowed is 2 (D).
 - Each comparison of match vs. mismatch takes 1/1,000,000 seconds (t).
 - Total Time 을 수식 및 초, 년 단위로 구하시오.

문제 5. Indexing Algorithm

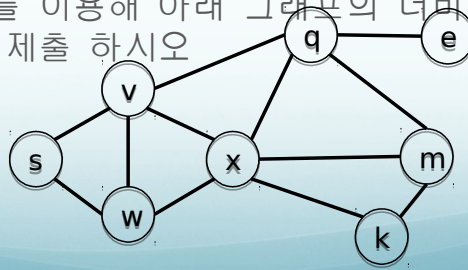
- Indexing Algorithm의 시간복잡도.
 - 3,000,000,000 length genome (N)
 - 300,000,000 reads to map (M)
 - Reads are of length 30 (L)
 - Number of mismatches allowed is 2 (D).
 - Each comparison of match vs. mismatch takes 1/1,000,000 seconds (t).
 - Total Time 을 수식 및 초, 년 단위로 구하시오.
 - L=45일때의 Total Time 을 수식 및 초, 시 단위로 구하시오 (다른 조건은 위와 같음).

그래프 알고리즘

Practice 9

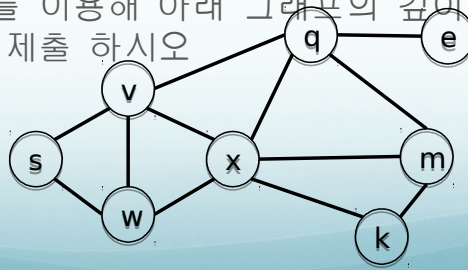
문제 1. 너비우선 탐색

- 다음 그래프에 대해 너비 우선 탐색을 해보시오
 - 너비우선 탐색을 해보고 결과로 나오는 너비우선(탐색) 트리를 그리시오. 탐색은 노드 s로 부터 시작되고 탐색 결과로 나온 트리 각 노드 밑에 s로 부터의 탐색 거리를 적으시오.
 - 너비 우선 탐색을 하고 탐색되는 순서대로 노드를 출력하는 코드를 구현하시오.
 - 작성한 코드를 이용해 아래 그래프의 너비 우선 탐색결과를 캡처해 제출 하시오



문제 2. 깊이우선 탐색

- 다음 그래프에 대해 깊이 우선 탐색을 해보시오
 - 깊이우선 탐색을 해보고 결과로 나오는 깊이우선(탐색) 트리를 그리시오. 탐색은 노드 s로 부터 시작되고 탐색 결과로 나온 트리 각 노드 밑에 s로 부터의 탐색 거리를 적으시오.
 - 깊이 우선 탐색을 하고 탐색되는 순서대로 노드를 출력하는 코드를 구현하시오.
 - 작성한 코드를 이용해 아래 그래프의 깊이 우선 탐색결과를 캡처해 제출 하시오



문제 3. Hamiltonian path VS Eulerian path

- 다음 spectrum 에 대한 SBH problem 을 hamiltonian path approach 와 eulerian path approach 를 이용하여 구해 보시오

$S = \{AGT, AAA, ACT, AAC, CTT, GTA, TTT, TAA\}$

- Construct the graph with 8 vertices corresponding to these 3-mers (Hamiltonian path approach) and find a Hamiltonian path (7 edges) which visits each vertex exactly once. Write the string you got from the Hamiltonian path (여러개일 경우 전부 적을 것).
- Construct the graph with 8 edges corresponding to these 3-mers (Eulerian path approach) and find an Eulerian path (8 edges) which visits each edge exactly once. Write the string you got from the Hamiltonian path (여러개일 경우 전부 적을 것).

문제 4. Re-sequencing problem

- Trivial Algorithm의 시간 복잡도
 - 3,000,000,000 length genome (N)
 - 300,000,000 reads to map (M)
 - Reads are of length 30 (L)
 - Number of mismatches allowed is 2 (D).
 - Each comparison of match vs. mismatch takes 1/1,000,000 seconds (t).
 - Total Time 을 수식 및 초, 년 단위로 구하시오.

문제 5. Indexing Algorithm

- Indexing Algorithm의 시간복잡도.
 - 3,000,000,000 length genome (N)
 - 300,000,000 reads to map (M)
 - Reads are of length 30 (L)
 - Number of mismatches allowed is 2 (D).
 - Each comparison of match vs. mismatch takes 1/1,000,000 seconds (t).
 - Total Time 을 수식 및 초, 년 단위로 구하시오.
 - L=45일때의 Total Time 을 수식 및 초, 시 단위로 구하시오 (다른 조건은 위와 같음).