

# Übungen

## (1) K-mer Mapping

Implementieren Sie in Python die im Seminar besprochenen Funktionen *kmerZuIndex(kmer)* , mit welcher *k*-mere des DNA Alphabetes = {A,C,G,T} bijektiv auf konsequente Integer-Werte  $\in [0;4^k-1]$  *index* abgebildet werden können. Implementieren Sie auch die inverse Funktion und *indexZuKmer(index, k)*, mit welcher Indices wieder den entsprechenden *k*-meren zugeordnet werden.

## (2) HäufigeWörter

Implementieren Sie eine möglichst Laufzeit-effiziente Version von *HäufigeWörterRC(Text, k)*, die die häufigsten Vorkommnisse einer *k*-mer Sequenz und ihrer reversen Komplementärsequenz zusammen in einer DNA Zeichenkette *Text* bestimmt.

**Eingabe:** DNA-Zeichenkette *Text*, Integer *k*

**Ausgabe:** Vorkommnisse und Sequenzen der häufigste(n) *k*-mer(e) in *Text* und dem revers-komplementären DNA-Strang zu *Text*