

①

2891
3327
↓ ↓ ↓ ↓
1,1,2,8 = 15 Abstände zwischen aber

Hamming-Distanz: Anzahl unterschiedliche Bits an selber Position gleicher Binärzahlen

	2048	1024	512	256	128	64	32	16	8	4	2	1
2891:	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1
3327:	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1

1 1 1 1 1 ⇒ 5

Hamming Distanz = 5

②

Das Gen verfügt über 46 Stellen.

Angenommen ein crossover findet zu 100% in einer Generation statt.

101001010100010110110101001001001011110111

Diese "Gruppe" besteht nur aus einer Aminosäure, die nicht gespalten werden kann: $\frac{0}{46} = 0\%$

$\frac{1}{46}$ Chance, dass eine 2-Bit lange Gruppe in der Mitte aufgespalten wird: $\frac{2}{46} = 4,3478\%$

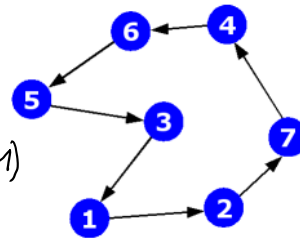
$\frac{2}{46}$ Chance, dass die 3-Bit lange Gruppe aufgespalten wird: $\frac{3}{46} = 6,5217\%$

③

PSadkodierung: $\overset{(1,2)}{1} \overset{(2,7)}{2} \overset{(7,4)}{7} \overset{(4,6)}{4} \overset{(6,5)}{6} \overset{(5,3)}{5} \overset{(3,1)}{3} 1$

Kantenkodierung: $(1,2), (2,7), (7,4), (4,6), (6,5), (5,3), (3,1)$

Originalkodierung: 1-2-7-4-6-5-3-1



④

a)

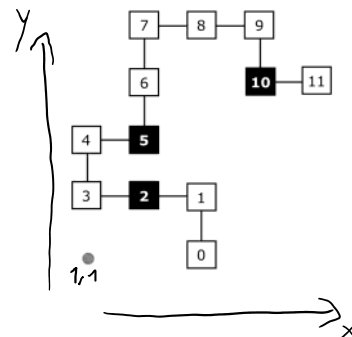
$P_0 (3,1)$	$P_6 (2,4)$
$P_1 (3,2)$	$P_7 (2,5)$
$P_2 (2,2)$	$P_8 (3,5)$
$P_3 (1,2)$	$P_9 (4,5)$
$P_4 (1,3)$	$P_{10} (4,4)$
$P_5 (2,3)$	$P_{11} (5,4)$

Absolute Bitterkoordinaten

b)

$P_0 (3,1)$	$P_{5 \rightarrow 6} (0)$
$P_{0 \rightarrow 1} (0)$	$P_{6 \rightarrow 7} (0)$
$P_{1 \rightarrow 2} (L)$	$P_{7 \rightarrow 8} (R)$
$P_{2 \rightarrow 3} (L)$	$P_{8 \rightarrow 9} (R)$
$P_{3 \rightarrow 4} (0)$	$P_{9 \rightarrow 10} (0)$
$P_{4 \rightarrow 5} (R)$	$P_{10 \rightarrow 11} (R)$

Relative Bitterkoordinaten $(0, U, L, R)$



c)

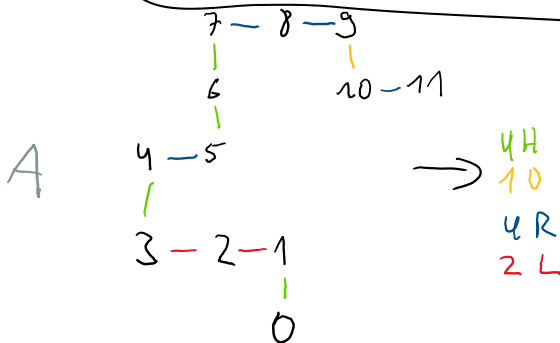
$P_0 (3,1)$	$P_{5 \rightarrow 6} (L6)$
$P_{0 \rightarrow 1} (6)$	$P_{6 \rightarrow 7} (L6)$
$P_{1 \rightarrow 2} (L6)$	$P_{2 \rightarrow 3} (R6)$
$P_{2 \rightarrow 3} (6)$	$P_{3 \rightarrow 4} (6)$
$P_{3 \rightarrow 4} (R6)$	$P_{4 \rightarrow 5} (R6)$
$P_{4 \rightarrow 5} (R6)$	$P_{5 \rightarrow 6} (L6)$

rel. Konformationskoordinaten (L, L, R)

Geringste Epistasie?

- d) Eine Konformation beschreibt die räumliche Anordnung / Ausrichtung eines Proteins und folglich seine "Umlage".
Um die Nähe einer mutierten Konformation B oder C zu A zu messen, kann man den Pfad von dem Punkt P_0 zu P_n , abspindern und auf Abweichungen vergleichen.
- absolute Gitterkoord.: Distanz (wenn vorhanden) von $P_A(0)$ zu $P_B(0) / P_C(0)$ berechnen für die Punkte 0-11 und aufaddieren. Geringere Gesamtdistanz = ähnlicher.
 - relative Gitterkoord.: Wegabweichungen des relativen Pfades vergleichen.
Anzahl an oben, unten, links, rechts vergleichen. Wenn es gleich viele sind, ist man den korrekten Pfad rundgegangen.
Weniger Unterschiede = ähnlicher
 - relative Konformationskoordinaten: Knotenvektor.... rekursives abgelesen vom Pfad.

Algorithmus für Überlappung von Konformationen in relativen Knoten (rel. Gitterkoord.)



```

ArrayList<String> a = new ArrayList<String>();
while (A.nextKnot())
    a.add(Knot.relativePath());

bool same = true;
int i = 0;

while (B.nextKnot()) {
    if (a[i] != Knot.relativePath()) {
        same = false;
        break;
    }
}

return same;
  
```

Kodierung gegen überlagernde Gitterpositionen

In absoluten Gitterkoordinaten ist es gegeben mit den absoluten Koordinaten zu prüfen, ob auf dieser Position ein Element ist.