

# Übungen zur Vorlesung Sequenzanalyse II

Universität Bielefeld, SoSe 2008

Prof. Dr. Jens Stoye · Dipl.-Inform. Peter Husemann

<http://gi.cebitec.uni-bielefeld.de/teaching/2008summer/sequenzanalyse>

**Blatt 2 vom 25.04.2008**

**Abgabe in einer Woche zu Beginn der Vorlesung.**

## **Aufgabe 1** Paarweises Alignment mit linearem Speicherbedarf

1. Berechne die Edit-Matrix für  $s_1 = \text{TTTAGGA}$  und  $s_2 = \text{GGTTTAGAG}$  mit Einheitskosten.  
(Schreibe  $s_1$  vertikal und  $s_2$  horizontal an die Matrix.)

Simuliere danach die Berechnung eines optimalen Alignments mit linearem Platzbedarf, indem auf Kopien der Edit-Matrix die folgenden Punkte eingezeichnet werden:

- a) Zeichne für eine Zeile exemplarisch ein, welche Einträge für deren Berechnung gleichzeitig im Speicher liegen müssen. Wo werden die Ergebnisse gespeichert?
  - b) Zeichne in der unteren Hälfte der Edit-Matrix die Backtracing-Pfeile für den ersten Durchgang ein und gib den Eintrag der mittleren Zeile an, durch den das Alignment laufen wird.
  - c) Zeichne wie in der Vorlesung mit verschiedenen Farben ein, welche Teile der Edit-Matrix erneut berechnet werden müssen.
2. Gib ein optimales Alignment zwischen  $s_1$  und  $s_2$  an.  
Gibt es mehrere?  
Wie kann ein Alignment-Algorithmus mit linearem Speicherbedarf vorgehen, um nicht nur ein, sondern alle optimalen Alignments zu ermitteln. Wo liegen die Probleme dabei?

## **Aufgabe 2** Längennormalisiertes Alignment

1. In welchen Situationen sind
  - a) globales Alignment,
  - b) lokales Alignment und
  - c) längennormalisiertes Alignmentam angemessensten?  
Wo liegt der bioinformatische Nutzen der verschiedenen Alignment-Ansätze?
2. Erkläre die Begriffe Mosaik-Effekt und Schatten-Effekt in 2–3 Sätzen, sowie anhand einer Skizze.