

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 5 vom 16.05.2008

Abgabe in der Vorlesung am 30.05.2008

Multiple Sequence Alignment

Aufgabe 1

Diskutiere die verschiedenen Anwendungsgebiete des multiplen Sequenz-Alignments (MSA):

- *sequence assembly*
- *molecular modeling, structure-function conclusions*
- *database search*
- *primer design*
- *reconstruction of phylogenetic trees*
- *analysis of single nucleotide polymorphisms (SNPs)*

Was bedeuten sie genau und wo besteht der Bezug zum MSA? Kannst Du konkrete Beispiele finden, z. B. in Lehrbüchern? Versuche auch Publikationen zu den Themen zu finden.

Aufgabe 2

Finde ein optimales multiples Alignment von drei Sequenzen, so dass die optimalen paarweisen Alignments *nicht* der Projektion der dazugehörigen Sequenzen auf das multiple Alignment entsprechen.

Tipp: Wenn es mehrere optimale paarweise bzw. multiple Alignments gibt darf eines davon willkürlich ausgewählt werden.

Aufgabe 3

Gegeben sind k Sequenzen der Länge $n = 500$. Ein paarweises Alignment dauert ca. eine Sekunde. Wie lange, in etwa, dauert dann das exakte *dynamic programming* Alignment von k Sequenzen? Wie viele Sequenzen kann man alignieren, bevor in 5 Milliarden Jahren die Sonne verlöscht? Spezifiziere alle Annahmen zum Lösen dieser Aufgabe.