

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 9 vom 27.06.2008

Abgabe in einer Woche zu Beginn der Vorlesung.

Aufgabe 1 Aligning Alignments

Für die auf Alignmentsspalten verallgemeinerten Einheitskosten soll ein multiples Alignment A_3 aus den folgenden beiden Alignments A_1 und A_2 berechnet werden:

$$A_1 = \begin{pmatrix} \text{CATGAG-} \\ \text{GAT-AGA} \end{pmatrix}, \quad A_2 = \begin{pmatrix} \text{TACAGAG} \\ \text{CACAGAG} \\ \text{--CATAG} \end{pmatrix}$$

1. Wie muss dazu vorgegangen werden?
2. Berechne A_3 .

Aufgabe 2 DIALIGN

1. Warum benutzt DIALIGN keine Gapkosten?
2. Was ist der Hauptvorteil von DIALIGN gegenüber klassischen globalen Alignmentmethoden?

Aufgabe 3 Welches der beiden Alignments A_a und A_b wurde vermutlich durch einen progressiven Alignmentalgorithmus konstruiert? Welches wurde durch einen Algorithmus berechnet, der lokale Informationen berücksichtigt, wie z. B. DIALIGN?

$$A_a = \begin{pmatrix} \text{G A R F I E L D T H E V E R Y F A S T C A T - - -} \\ \text{G A R F I E L D T H E - - - - F A - T C A T - - -} \\ \text{G A R F I E L D T H E - - - - L A S T F A T C A T} \\ \text{- - - - - - - - T H E - - - - - - - - F A T C A T} \end{pmatrix}$$

$$A_b = \begin{pmatrix} \text{G A R F I E L D T H E V E R Y F A S T - - - C A T} \\ \text{G A R F I E L D T H E - - - - - - - - F A T C A T} \\ \text{G A R F I E L D T H E - - - - L A S T F A T C A T} \\ \text{- - - - - - - - T H E - - - - - - - - F A T C A T} \end{pmatrix}$$