

# Übungen zur Vorlesung Sequenzanalyse II

Universität Bielefeld, SS 2010  
Prof. Dr. Jens Stoye · Dr. Inke Herms

<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2010summer/SequenzAnalyse>

**Blatt 6 vom 21.05.2010**

**Abgabe in einer Woche vor Beginn der Vorlesung.  
Bitte gib auch den Namen deines Tutors an.**

## **Aufgabe 1 (Paarweises Alignment)**

3 Punkte

Zur Lösung welcher bioinformatischer Problemstellungen sind die folgenden Alignment-Ansätze sinnvoll?

- Globales Alignment
- Lokales Alignment
- Längennormalisiertes Alignment

## **Aufgabe 2 (Längennormalisiertes Alignment)**

3 Punkte

- Erkläre die Begriffe Mosaik-Effekt und Schatten-Effekt in 2-3 Sätzen, sowie anhand einer Skizze.
- Wie wird der längennormalisierte Alignment-Score berechnet und was sagt er aus?
- Wozu wird der Parameter  $L$  eingeführt? Wie unterscheidet sich der längennormalisierte Score für kleine bzw. große Werte von  $L$ ?
- Wie kann man ein optimales längennormalisiertes Alignment effizient finden?

## **Aufgabe 3 (Bisection-Algorithmus)**

4 Punkte

Gegeben sind die Strings  $s = \text{CAGCTGACAG}$  und  $t = \text{TAGTCTGCAG}$  und die Scores  $+2$  für Matches,  $0$  für Mismatches und  $-1$  für Indels (lineare Gapkosten).

- Berechne ein optimales lokales Alignment und dessen Score  $\text{LAS}(s, t)$ .
- Bestimme den Wert  $\text{NAS}_L(s, t)$  des längennormalisierten Alignments für  $L = 2$  und  $L = 3$ .

Diskutiere den Effekt der Normalisierung.