

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 4 vom 07.05.2010

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

Aufgabe 1 Darstellung einfacher RNA-Sekundärstrukturen

3 Punkte

Diskutiere die Vor- und Nachteile der *dot-bracket*-Notation für RNA Sekundärstrukturen gegenüber dem *mountain plot* und dem *circle plot*.

Aufgabe 2 Kontextfreie Grammatik

3 Punkte

Betrachte die eindeutige kontextfreie Grammatik

$$S \rightarrow \epsilon \mid S \mid S(S),$$

welche ausgehend vom Startsymbol S eine *dot-bracket*-Notation erzeugt. Wende die Grammatik auf die RNA-Sequenz $s = \text{UACUGAACCGCUAC}$ an, so dass die Basen **AA** Elemente eines hairpin-loop sind. Gib die einzelnen Produktionsschritte an und visualisiere die Struktur unter Benennung der vorhandenen Strukturelemente.

Aufgabe 3 Nussinov-Algorithmus

4 Punkte

Gegeben sei die RNA-Sequenz $s = \text{GUAGACUCGCUUCG}$, $\delta = 2$ (minimale Anzahl ungepaarter Basen im hairpin-loop) und das Scoring-Schema $\text{score}(C, G) := 3$, $\text{score}(A, U) := 2$ und $\text{score}(G, U) := 1$. Berechne mit Hilfe des Nussinov-Algorithmus alle Strukturen von s mit maximalem Score und gib diese in *dot-bracket*-Notation an.