

Übungen zur Vorlesung Sequenzanalyse II

Universität Bielefeld, SS 2011
Prof. Dr. Jens Stoye · Daniel Dörr

<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2011summer/SequenzAnalyse>

Blatt 7 vom 17.06.2010

Bitte gib auch den Namen deiner Tutorin an.

Abgabe Abgabe zum 01.07.2010 vor Beginn der Vorlesung

Aufgabe 1 (Steinerbaum)

4 Punkte

Berechne den minimalen Steinerbaum für die folgenden Mengen von Sequenzen. Benutze dabei die Einheitskostendistanz.

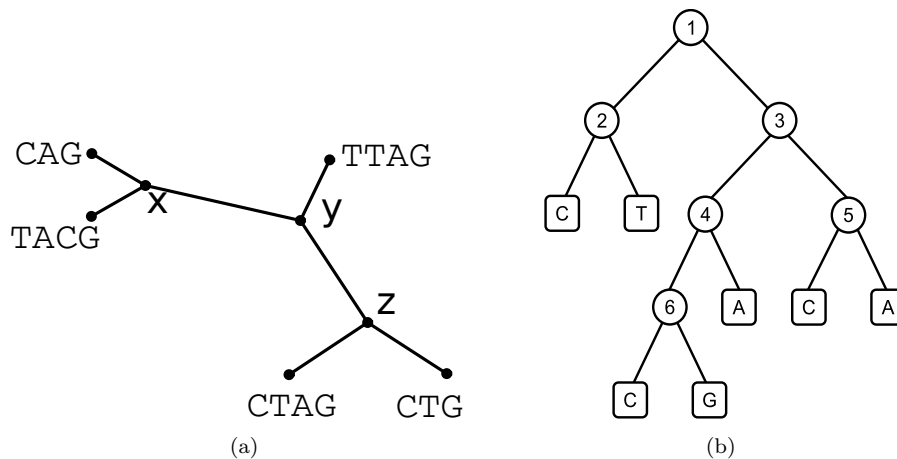
a) $s_1 = \text{GGAC}$, $s_2 = \text{AGC}$, $s_3 = \text{TACG}$, $s_4 = \text{GCT}$.

b) $s_1 = \text{TAGT}$, $s_2 = \text{CTT}$, $s_3 = \text{TGTA}$, $s_4 = \text{CTAG}$.

Aufgabe 2 (Baumalignment)

4 Punkte

Gegeben seien die folgenden Bäume:



- Um die Kosten für ein Baumalignment exakt zu berechnen, kann der Sankoff-Algorithmus verwendet werden. Erkläre in 3–5 Sätzen, wie dieser Algorithmus funktioniert. Erläutere auch, welche Rolle der Fitch-Algorithmus dabei spielt.
- Beschrifte die inneren Knoten x , y und z des Baumes in Abbildung 1(a) so, dass die Kosten des Baumalignments möglichst gering sind. Berechne die Kosten des entsprechenden Alignments.
- Berechne für den phylogenetischen Baum in Abbildung 1(b) die sparsamste Beschriftung der inneren Knoten mit Hilfe des Fitch-Algorithmus. Gib dabei für die inneren Knoten jeweils die mit ihnen assoziierten Informationen der Bottom-Up- und der Top-Down-Phase an.