

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 8 vom 01.07.2011

Bitte gib auch den Namen deiner Tutorin an.

Abgabe in einer Woche vor Beginn der Vorlesung.

Aufgabe 1 (Algorithmen für Multiples Alignment)

4 Punkte

Beschreibe in kurzen Sätzen die grundlegenden Konzepte der folgenden Alignment-Programme:

- Clustal W
- T-Coffee
- Dialign
- Muscle
- Clustal Omega

Aufgabe 2 (Aligning Alignments)

4 Punkte

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

$$A_1 = \begin{pmatrix} \text{ATGC} \\ \text{AGGC} \end{pmatrix}, \quad A_2 = \begin{pmatrix} \text{CGAG-} \\ \text{C-AGC} \\ \text{TGA-C} \end{pmatrix}$$

- a) Berechne die minimalen Alignmentkosten.
- b) Gib A_3 an.

Aufgabe 3 (Progressives Alignment)

4 Punkte

Beschreibe einen progressiven Alignment-Algorithmus für globales multiples Alignment in Pseudocode (Implementierung in beliebiger Programmiersprache wird auch akzeptiert), welcher bei jeder Iteration die beiden Alignments mit den geringsten zusätzlichen Alignmentkosten aligniert. Der Algorithmus soll sowohl die Gesamtkosten als auch das endgültige globale multiple Alignment ausgeben. Analysiere anschliessend die asymptotische Laufzeit des Algorithmus.