



## Genomanalyse

1. Übungsblatt WS 2009

Besprechung: Dienstag 20.10.2009 in der Übung

---

### **Aufgabe 1: [10 Punkte] Needleman-Wunsch Algorithmus für paarweises globales Alignment**

Berechnen Sie für die Sequenzen  $S = \text{actg}$  (horizontal) und  $T = \text{ctagc}$  (vertikal) ein globales Alignment nach dem Algorithmus von Needleman-Wunsch. Ein Match trägt 3 zum Score des Alignments bei, ein Mismatch  $-5$  und ein Space  $-2$ .

- Berechnen Sie die DP-Matrix.
  - Tragen Sie dabei jeweils *alle* Traceback-Kanten ein (also eventuell mehrere pro Zelle).
  - Heben Sie *die beim Traceback benutzten* Kanten besonders hervor.
  - Notieren Sie das resultierende *Alignment*.
- 

### **Aufgabe 2: [5 Punkte] Dynamisches Programmieren für die Fibonacci-Zahlen**

Vergleichen Sie die Laufzeiten zur Berechnung der Fibonacci-Zahlen mit und ohne „DP-Tabelle“.

---