



Genomanalyse

2. Übungsblatt WS 2009

Abgabe: Dienstag 27.10.2009 vor der Übung, Besprechung: in der Übung

Bitte geben Sie auf Ihren abgegebenen Lösungen Name und Matrikelnummer an und arbeiten Sie in Gruppen von 2 oder 3 Personen zusammen.

Aufgabe 3: [4+10 Punkte] Alignment mit affinen Gapkosten

- Beim Needleman-Wunsch Algorithmus mit linearen Gapkosten hatten wir im Pseudocode eine Zeile: „The best score is $\alpha := F(m, n)$ “. Wie muss es beim Needleman-Wunsch mit affinen Gapkosten lauten?
- Überlegen Sie sich, welche die Formeln für die Rekursion und die Initialisierung beim Algorithmus zur Berechnung von lokalen Alignments mit affinen Gapkosten sind.

Aufgabe 4: [10 Punkte] Smith-Waterman Algorithmus für paarweises lokales Alignment mit linearen Gapkosten

Berechnen Sie für die Sequenzen $S = \text{gtac}$ (horizontal) und $T = \text{agcta}$ (vertikal) ein lokales Alignment nach dem Algorithmus von Smith-Waterman. 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 (z. B. farbig) hervor.
- Markieren Sie in der Matrix, wo der Traceback anfängt und aufhört.
- Notieren Sie das resultierende *Alignment*.

Geben Sie dabei auch die jeweiligen *Start- und End-Positionen* in den beiden Sequenzen an. Zum Beispiel für die Sequenzen caabaacc und babcaaa wäre folgen-

des ein *mögliches* lokales Alignment:
$$\frac{\text{ca|ab-aa|cc}}{\text{b|abc|aa|a}}$$