



## Genomanalyse

7. Übungsblatt WS 2009

Abgabe: Dienstag 1.12.2009 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 14: [5+2=7 Punkte] „Needleman-Wunsch“ für mehr als zwei Sequenzen

In der Vorlesung wurde besprochen, wie man den Needleman-Wunsch Algorithmus für globales Alignment mit linearen Gapkosten für den Fall von  $r \geq 3$  Sequenzen modifiziert. Es wurde jedoch nur die *Rekursionsvorschrift* angegeben, und zwar genau im Fall  $r = 3$ .

- Beschreiben Sie im Fall  $r = 3$ , wie die *Initialisierung* vonstatten geht. Genauer: wie berechnet man  $F(i, j, k)$ , wenn (a) ein, (b) zwei oder (c) drei der Indizes  $i, j, k$  gleich Null sind?
- Beschreiben Sie allgemein für beliebiges  $r$  die Vorgehensweise.

### Aufgabe 15: [7 Punkte] Fitch Algorithmus

Führen Sie den Algorithmus von Fitch für den folgenden phylogenetischen Baum durch:

