



Genomanalyse

9. Übungsblatt WS 2009

Abgabe: Dienstag 15.12.2009 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 19: [4 Punkte] multiple sequence alignment

In dieser Aufgabe betrachten wir globale Alignments von Sequenzen über einem Alphabet Ihrer Wahl mit der Editdistanz, d. h., mismatches und indels kosten 1, matches 0.

Geben Sie ein drei Sequenzen an, so dass gilt: Die Summe der drei paarweisen Alignments, die durch Projektion aus einem optimalen multiplen Alignment hervorgehen, ist größer als die Summe von drei (separat berechneten) paarweisen optimalen Alignments.

Aufgabe 20: [8 Punkte] additional cost

Wir betrachten die beiden Sequenzen $acgta$ (waagrecht) und $ctagc$ (senkrecht) und globale Alignments entsprechend der Editdistanz. Beweisen Sie durch Berechnen der additional cost matrix: Ein globales Alignment, welches das c in $acgta$ mit dem g in $ctagc$ aligniert, ist um mindestens 2 schlechter als ein optimales Alignment.

Aufgabe 21: [0 Punkte] Fitch versus Sankoff-Cedergren, revisited

Schauen Sie sich im Skript den überarbeiteten Korrektheitsbeweis für den Fitch Algorithmus an. Und danach denken Sie noch einmal über die "Äquivalenz" von Fitch und ungewichtetem Sankoff-Cedergren nach, siehe Aufgabe 17.
