

Prof. Dr. Knut Reinert
Rene Rahn
Kathrin Trappe
Kathleen Gallo
Thomas Krannich

Institut für Informatik
AG Algorithmische Bioinformatik

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik

Neuntes Übungsblatt WS 12/13

Abgabe Freitag, 21.12.2012, 15:00 Uhr

Name: _____ Übungsgruppe: A B C

Matrikelnummer: _____

Niveau I

Aufgabe1: MSA mit dynamischer Programmierung

Erörtern Sie die Verwendung von dynamischer Programmierung beim multiplen Sequenzalignment. Gehen Sie hierbei auf jeden Fall auf die Laufzeit, Dimension und Schwere des Problems unter der Verwendung von DP ein.

Tipp: Denken Sie darüber nach, wie sich eine zusätzliche Sequenz auf die Rekursion auswirkt.

Aufgabe 2: WSOP

Gegeben sei folgendes Scoring scheme:

$$\begin{aligned} & 5 \text{ for } x=y , \\ & -3 \text{ for } x \neq y, (x,y) \in \text{Alphabet} \times \text{Alphabet} , \\ & 0 \text{ for } x=y= '-' , \\ & -1 \text{ other} \end{aligned}$$

Berechnen Sie den Score des folgenden MSA mittels des WSOP-Algorithmus aus der Vorlesung. Gegeben seien folgende Sequenzen (Basen unabhängig, gleichverteilt):

a1=AA-CG-GCCCTT , a2=ACGTA-AGGTGA , a3=GATGGTC-CC-C .

Niveau II

Aufgabe 3: Progressives Alignment

Erklären Sie in > 100 Worten, wie heute das MSA-Problem heuristisch mit progressivem Alignment gelöst wird.

(Optional können Sie das Material 'MultiMobitec.pdf' S.31-60 verwenden. Sie brauchen hierbei nicht detailliert auf die Matrixoperationen des hier verwendeten UPGMA Algorithmus und Normierungen eingehen.)