Prof. Dr. Knut Reinert
Sascha Meiers
Thimo Wellner

Institut für Informatik
AG Algorithmische Bioinformatik

Freie Universität Berlin

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik
Viertes Übungsblatt WS 13/14

Abgabe Montag, 18.11., 15:00 Uhr

Name:

Matrikelnummer:

Niveau I

Aufgabe 1: Internet-Übung

Berechnen Sie mit Hilfe eines Needleman Wunsch Web Applets die Ähnlichkeit der menschlichen Haemoglobin-α- und Haemoglobin-β-Untereinheiten sowie ersterer mit der Haemoglobin-α-Untereinheit der Maus. Die Sequenzen finden sich bei UniProt unter folgenden IDs:

`HBA_HUMAN HBB_HUMAN HBA_MOUSE`

Erklären Sie kurz Ihre Ergebnisse.

Aufgabe 2: Affine Gapkosten

Gegeben seien die Sequenzen *S1=ATAC* und *S2=AA*.

a)
Machen Sie ein globales Alignment mit folgenden affinen Gapkosten:
match=2, mismatch=-4, gap opening(d)=-10, gap extension(e)=-1.
Verwenden Sie hierzu den GOTOH-Algorithmus aus der Vorlesung und notieren Sie ein optimales Alignment. Zur Intuition, argumentieren Sie, warum ein direktes matchen von beiden A's aus S2 mit den beiden A's aus S1 kein optimales Alingnment ergibt.

Aufgabe 3: Lokales Alignment

a)
Machen Sie ein lokales Alignment für die Sequenzen:
S1=KILLER und *S2=FILMSTAR*.
Verwenden Sie hierzu den Smith-Waterman-Algorithmus aus der Vorlesung und notieren Sie das Alignment. Für das Scoring benutzen sie die *BLOSUM62-Matrix* und nehmen sie lineare Gapkosten von *-5* an.

Niveau II

Aufgabe 4: Overlap-Alignment

Konstruieren Sie einen Algorithmus, der ein *overlap alignment* zweier Sequenzen erstellt. Hierzu sollten Sie das schon bekannte Algorithmus-Schema verändern und eine neue Initialisierung sowie Rekursion angeben.
Zur Veranschaulichung skizzieren sie bitte das Prinzip in einer *Dynamic Programming-Matrix*, die schon nach der neuen Initialisierung ausgefüllt ist.