

Prof. Dr. Knut Reinert
René Rahn
Jakob Schulze
Kathleen Gallo
Denise Thiel

Institut für Informatik
AG Algorithmische Bioinformatik

Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik

Viertes Übungsblatt WS 14/15

Abgabe Donnerstag, 12:00

Niveau I

Aufgabe 1: Internet-Übung

Berechnen Sie mit Hilfe eines Needleman Wunsch Web Applets die paarweise Ähnlichkeit der menschlichen Haemoglobin- α - und Haemoglobin- β -Untereinheit und der Haemoglobin- α -Untereinheit der Maus. Die Sequenzen in fasta-Format finden sich bei UniProt in dem Abschnitt 'Sequenz' unter folgenden IDs:

HBA_HUMAN HBB_HUMAN HBA_MOUSE

Geben Sie die Alignmentlänge und Sequenzidentität an. Ist die Sequenzidentität eindeutig? (Begründung)

Aufgabe 2: Lokales Alignment

Berechnen Sie für die Sequenzen $S = \text{annaisstananas}$ (horizontal) und $T = \text{nass}$ (vertikal) ein lokales Alignment nach dem Smith-Waterman-Algorithmus.

Ein Match trägt 2 zum Score des Alignments bei, ein Mismatch -2 und ein Space -3 .

Niveau II

Aufgabe 3: Divide and Conquer

Zeigen Sie, dass man ein optimales globales Alignment an einer beliebigen Stelle teilen kann und dadurch zwei optimale globale Alignments erhält. (Angenommen man hat lineare Gap-Kosten.)