

4. Übung zur Vorlesung “Sequenzanalyse”

Sebastian Böcker, Kai Dührkop, Markus Fleischauer

In dieser Übung sollen Artikel zum Thema Substitutionsmatrizen vorgestellt und diskutiert werden. Dabei soll jede Gruppe die Paper eines der folgenden Themen bearbeiten:

1. BLOSUM: [1, 2]
2. Maximum Likelihood method for estimating amino acid substitution models (VTML) [3]
3. Selecting the best scoring matrix [4, 5]

Aufgabe 1 (10 Punkte): Bereitet euch darauf vor ca. 15-20 Minuten über euer/eure Paper zu reden und die Schwerpunkte vorzustellen. Falls nötig können auch Folien oder Tafelbilder vorbereitet werden.

Aufgabe 2 (5 Punkte): Schreibt eine etwa einseitige Zusammenfassung (d. h. ca. 500 Wörter) über euer/eure Paper.

Literatur

- [1] S. Henikoff and J. G. Henikoff. Amino acid substitution matrices from protein blocks. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 89(22):10915–10919, 1992.
- [2] Mark P. Styczynski, Kyle L. Jensen, Isidore Rigoutsos, and Gregory Stephanopoulos. Blosum62 miscalculations improve search performance. *Nat Biotechnol*, 26(3):274–275, 2008.
- [3] Tobias Müller, Rainer Spang, and Martin Vingron. Estimating amino acid substitution models: a comparison of dayhoff’s estimator, the resolvent approach and a maximum likelihood method. *Mol Biol Evol*, 19(1):8–13, 2002.
- [4] David Wheeler. Selecting the right protein-scoring matrix. *Curr Protoc Bioinformatics*, Chapter 3:Unit 3.5, November 2002.
- [5] William R. Pearson. Selecting the right similarity-scoring matrix. *Curr Protoc Bioinformatics*, 43:3.5.1–3.5.9, 2013.