

# 5. Übung zur Vorlesung “Einführung in die Bioinformatik I, 2. Teil”

Sommersemester 2019

Prof. Sebastian Böcker, Emanuel Barth, Maximilian Collatz, Marcus Ludwig

Ausgabe: 09. Mai 2019,  
Abgabe: 16. Mai 2019 zu Beginn der Übung

**Aufgabe 1 (3 Punkte):** Erklären Sie den Unterschied zwischen der Kante  $(u, v)$  in einem gerichteten Graph und der Kante  $\{u, v\}$  in einem ungerichteten Graph? Was ändert sich, wenn man  $u$  und  $v$  vertauscht? Ist  $u = v$  erlaubt?

**Aufgabe 2 (6 Punkte):** Gegeben sind die vier Sequenzen  $s_1 = GAA$ ,  $s_2 = GACA$ ,  $s_3 = ACAC$  sowie  $s_4 = CACG$  und der Leitbaum  $((1, 2), (3, 4))$ . Bestimmen Sie das multiple globale Alignment der vier Sequenzen mit Hilfe des Feng-Doolittle-Verfahrens für die Ähnlichkeitsfunktion  $S(A, A) = 2$ ,  $S(a, a) = 1$  für alle  $a \neq A$ ,  $S(a, b) = -1$  für  $a \neq b$  und  $S(a, -) = S(-, a) = -1$  für alle  $a$ .

**Aufgabe 3 (6 Punkte):** Überlegen Sie sich ein Beispiel für ein progressives globales Alignment mit drei Sequenzen, bei dem sich mit dem Feng-Doolittle-Verfahren je nach Leitbaum unterschiedliche multiple Alignments ergeben.

**Aufgabe 4 (5 Punkte):** Analysieren Sie Laufzeit und Speicherbedarf des Feng-Doolittle-Verfahrens bei Eingabe von  $k$  Sequenzen der Länge  $n$  und gegebenem Leitbaum. Annahme: Die Sequenzen dürfen sich während des Progressiven Alignments nur um einen konstanten Faktor verlängern (Das bedeutet, selbst mit eingefügten Gaps ist die Länge einer Sequenz immer  $O(n)$ ).