

Praktikum Data-Mining und Sequenzanalyse

Aufgaben zur Baum-Rekonstruktion

Marvin Meusel, Bertram Vogel

January 12, 2015
Abgabe 13.02.2015

Aufgaben:

- Erstellt ein Klassendiagramm (UML) für das Projekt
- Erläutert eure Implementierung. Gab es Schwierigkeiten? Gibt es noch Fehler?
- Gebt das Testsystem an

Projektbezogene Aufgaben:

1. Generiert per Hand für je ≥ 5 Taxa eine additive Baummetrik und eine Ultrametrik und testet damit die Algorithmen.
2. Erzeugt ≥ 6 beliebige zueinander ähnliche DNA-Sequenzen per Hand und testet damit wieder Euer Programm.
3. Bestimmt Stammbäume für die tRNAs von *Aquifex aeolicus* und diskutiert das Ergebnis.
4. Geht auf www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST und durchsucht die NCBI Nucleotide Collection nach der Sequenz der menschlichen Hexokinase (NM_000162). In welcher Reihenfolge tauchen Sequenzen anderer Spezies auf? Ladet euch die menschliche Gensequenz und fünf gefundene Sequenzen von anderen Organismen herunter. Bestimmt die Stammbäume dieser Sequenzen.
5. Diskutiert prinzipbedingte Vor- und Nachteile der Verfahren.