

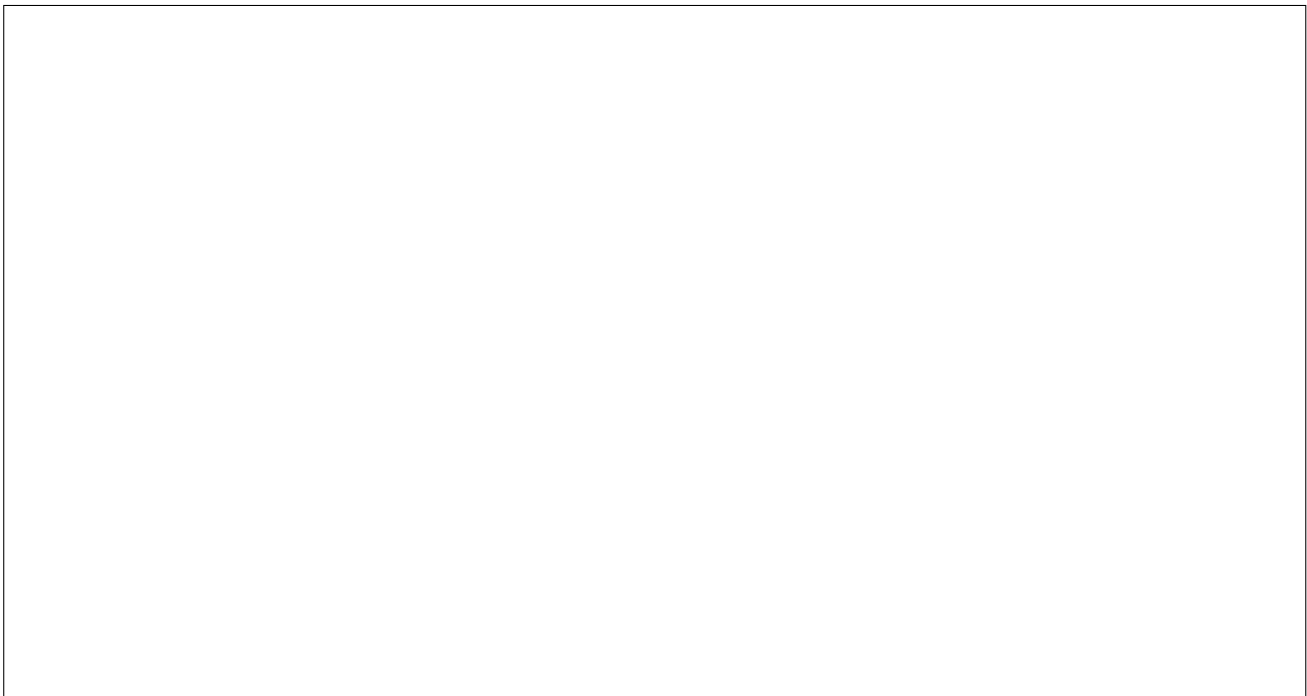
Übungsblatt, 29. Mai 2008

Name: .....

**Aufgabe 1** (5 Punkte) Was gibt die window size und die stringency für einen DotPlot an? Warum verwendet man diese beiden Parameter?



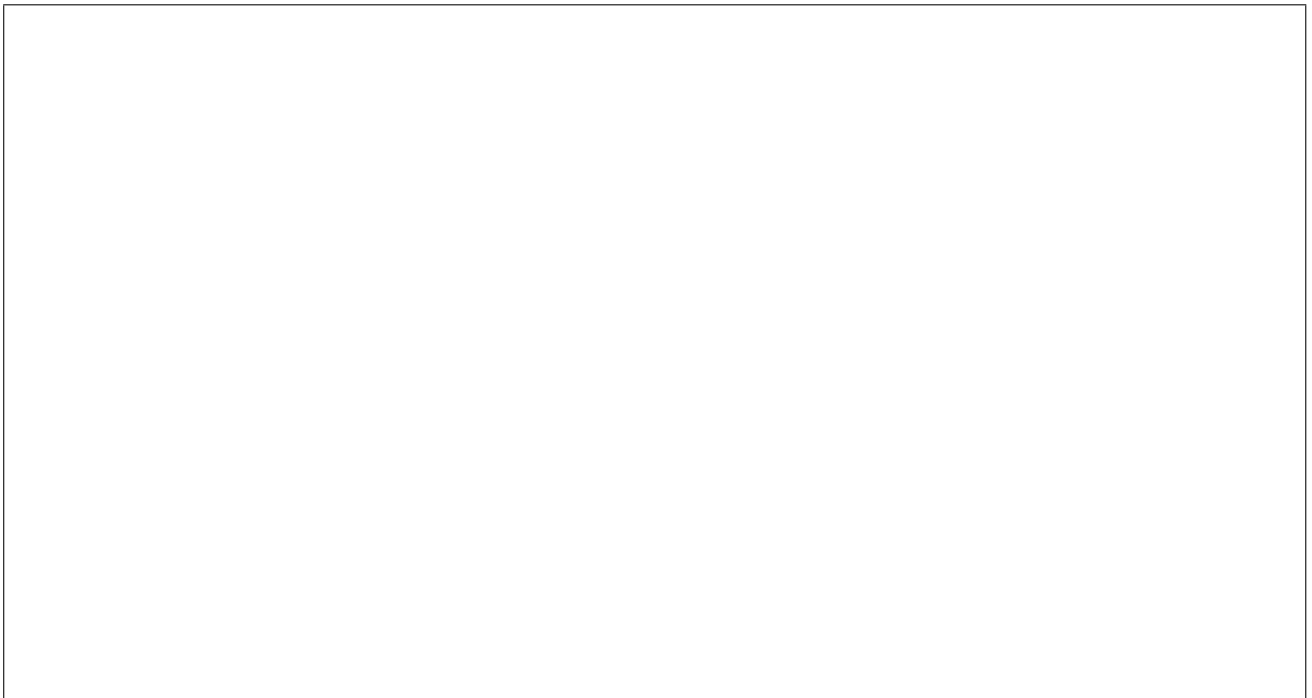
**Aufgabe 2** (5 Punkte) Was ist der Zusammenhang zwischen einem edit transcript und einem Alignment? Überführen sie das edit transcript DMIMMRD in ein Alignment für zwei beliebige Sequenzen. (Hier steht D für eine Deletion, M für ein Match, I für eine Insertion und R für ein Replacement.)



**Aufgabe 3** (5 Punkte) Beschreiben sie bitte wie das Traceback für die Edit-Distanz berechnet wird.



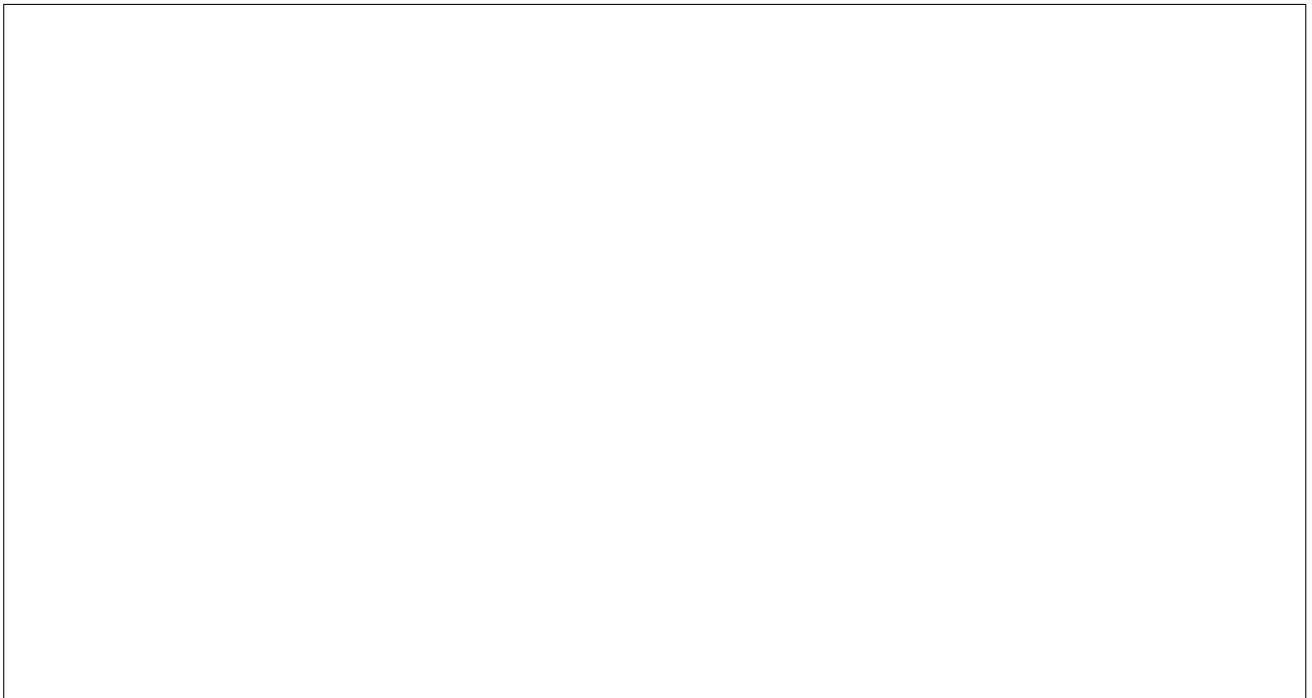
**Aufgabe 4** (5 Punkte) Welche zwei Modelle gibt es um Gaps in einem Alignment zu bestrafen? Erklären Sie bitte beide kurz.



**Aufgabe 5** (5 Punkte) Nennen sie bitte den Speicherbedarf und die Anzahl der Rechenoperationen für den Needleman-WunschAlgorithmus.



**Aufgabe 6** (5 Punkte) Schreiben Sie bitte die vollständige Rekursionsformel für den Smith-Waterman Algorithmus auf.



**Aufgabe 7** (5 Punkte) Könnte man auch für beliebig viele Sequenzen ein exaktes globales Alignment mittels Dynamische Programmierung berechnen? Ist dies in der Praxis durchführbar?

**Aufgabe 8** (5 Punkte) Was ist ein Jumping Alignment?

**Aufgabe 9** (5 Punkte) *Leiten Sie bitte eine Formel ab für die Anzahl der gewurzelten phylogenetischen Bäumen auf  $n$  Taxa.*

**Aufgabe 10** (5 Punkte) *Wie funktioniert UPGMA?*

**Aufgabe 11** (5 Punkte) Mit Ausnahme von UPGMA liefern die meisten Baumrekonstruktionsmethoden (wie Neighbor-Joining oder Maximum Parsimony) einen ungewurzelten Baum. Wie wird in der Praxis die Position der Wurzel in einem ungewurzelten Baum ermittelt?

**Aufgabe 12** (5 Punkte) Was versteht man unter dem "small parsimony problem"? Läßt sich dieses Problem effizient lösen?