



# Einführung in die Bioinformatik

Prof. Dr. Enno Ohlebusch, Prof. Dr. Hans Kestler, Dr. Karlheinz Holzmann,  
Tobias Badura

WS 16/17

## Übungsblatt 3

Abgabe bis 11.01.2017, 12:00. Lösungen bitte elektronisch an [tobias.badura@uni-ulm.de](mailto:tobias.badura@uni-ulm.de).

### 1. Aufgabe (10): Multiples Sequenz Alignment

Implementieren Sie den Center Star Alignment Algorithmus wie in der Vorlesung vorgestellt. Verwenden Sie als scoring Schema für die paarweisen Alignments die folgenden Einstellungen:

- match = 1
- mismatch = -1
- gap = -2

Ermitteln Sie hiermit das multiple Alignment der folgenden Sequenzen:

S1	A	T	T	G	C	C	A	T	T
S2	A	T	G	G	C	C	A	T	T
S3	A	T	C	C	A	A	T	T	T
S4	A	T	C	T	T	C	T	T	
S5	A	T	T	G	C	C	G	A	T

### 2. Aufgabe (10): Progressives Multiples Sequenzalignment

Berechnen Sie ein progressives multiples Alignment nach der Feng-Doolittle Methode der folgenden 4 Aminosäuresequenzen (benutzen Sie die PAM250 Matrix und -8 als Gap-Penalty):

NFS  
NFLS  
NYLS  
NKYLS

Legen Sie ihrem Vorgehen den Guide Tree aus dem Skript zugrunde. Geben Sie die Dynamic Programming Matrizen und Scores aller benötigten paarweisen Alignments an.

### 3. Aufgabe (5)

Laden Sie die Datei `sequenz.fas` von der Webseite der Veranstaltung herunter. Ermitteln Sie die Funktion dieses Gens. Suchen Sie dazu mit dem `blastn` Programm von der Webseite <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> nach ähnlichen Sequenzen.