

Übung Bioinformatik 4

Marlene Feistner 30.8.2022 (5562003)
Multiple Sequence Alignment

4.1

$$N \times (N-1) / 2 = 6$$

① AATCG ② AACG ③ CG ④ AA

① AATCG
② AA-CG
= 2

① AATCG
③ ---CG
= -4

① AATCG
④ AA---
= -4

② AACG
③ ---CG
= -2

② AACG
④ AA--
= -2

③ CG
④ AA--
= -8
gap penalty zu hoch
→ CG
AA
= -2

$$P = \frac{D}{L}$$

$$P(1-2) = \frac{1}{5} = 0,2$$

$$P(1-3) = \frac{3}{5} = 0,6$$

$$P(1-4) = \frac{3}{5} = 0,6$$

$$P(2-3) = \frac{1}{2} = 0,5$$

$$P(2-4) = \frac{1}{2} = 0,5$$

$$P(3-4) = 1 = 1$$

	1	2	3	4
1	-	0,2	0,6	0,6
2	0,2	-	0,5	0,5
3	0,6	0,5	-	1
4	0,6	0,5	1	-

$$Z = 1,2$$

$$d(2,3) = \frac{1}{2} (d(1,3) + d(2,3)) = \frac{1,1}{2} = 0,55$$

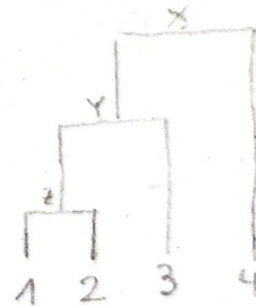
$$d(2,4) = \frac{1}{2} (0,6 + 0,5) = 0,55$$

	Z	3	4
Z	-	0,55	0,55
3	0,55	-	1
4	0,55	1	-

$$Y = Z,3$$

$$d(Y,4) = \frac{1}{3 \cdot 4} (1 + 0,5 + 0,6) = 0,7$$

	Y	4
Y	-	0,7
4	0,7	-



2 { AATCG
 AA-CG
 ---CG } -4
 -4 { AA--- } -4
 -10 { AA-CG } ← Konsensalignment

$$\sigma_{\text{gap}} = 2 - 4 - 4 - 1 - 1 - 10 = -24$$

4.2

PIG → Pig

SMICR → Dickschwänzige Schnalzfüßbeutelmaus

ORNAN → Schnabeltier

BRATR → (Weißkehl) Faultier

CHICK → Chicken

VICPA → Alpaka

DANRE → Zebrafisch

LIPTU → Kelp Snail fish

Die beiden Fische LIPTU & DANRE bilden wie zu erwarten ein Cluster, sowie die beiden Säugtiere VICPA & PIG

↳ es ergibt Sinn, dass die Sequenzen der Hämoglobinkette in nahe verwandten Spezies sehr ähnlich sind

So kann man sagen → je länger entfernt die Verwandtschaft, desto mehr Zeit ~~un~~ liegt, zwischen den Organismen und mehr Mutationen in der Sequenz konnten stattfinden