

Assignment 3:

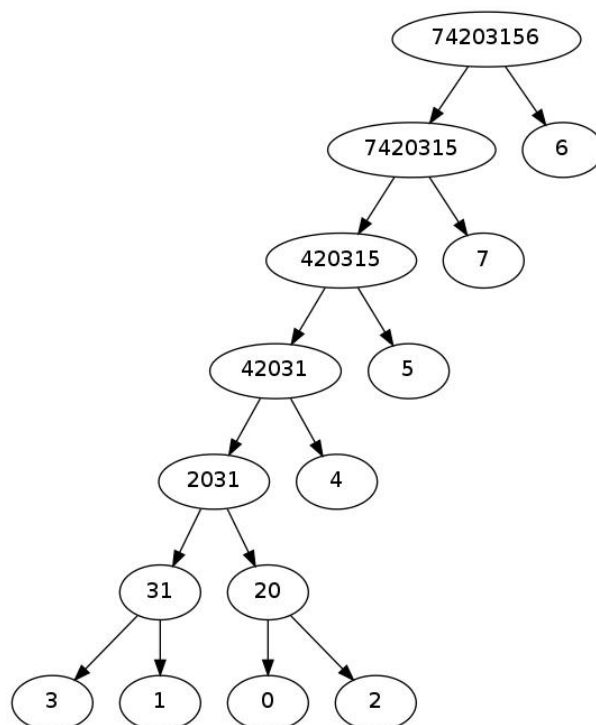
- 0 Mensch (Homo sapiens)
- 1 Maus (Mus musculus)
- 2 Rind (Bos taurus)
- 3 Ratte (Ratus norvegicus)
- 4 Huhn (Gallus gallus)
- 5 Krallenfrosch (Xenopus tropicalis)
- 6 Fruchtfliege (Drosophila melanogaster)
- 7 Zebrafisch (Danio rerio)

Matrix am Anfang, laut programm

	Mensch	Maus	Rind	Rat	Huhn	Xenopus	Drosophila
	0	1	2	3	4	5	6
Ze 7	1950	1985	1946	1988	2043	1990	1615
Dr 6	1602	1629	1609	1636	1620	1633	
Xe 5	2000	2002	1997	2012	2056		
Hu 4	2116	2135	2091	2140			
Ra 3	2390	2534	2350				
Ri 2	2401	2360					
Me 1	2397						

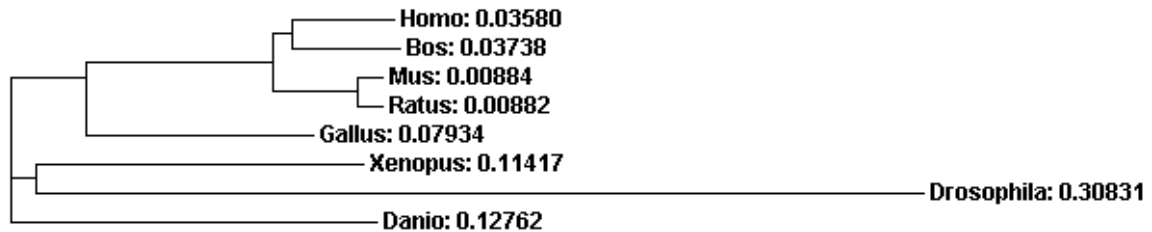
Baum (mit Graphviz):

(3,1)	2534
(2,0)	2401
(20,31)	2374
(4,2031)	2120
(42031,5)	2029
(7,420315)	1997
(6,7420315)	1620

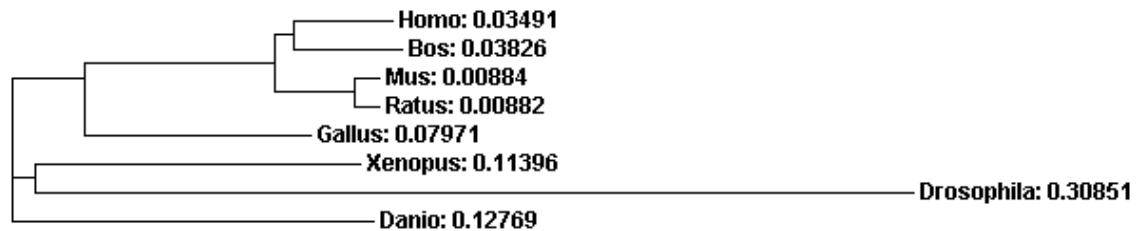


ClustalW:

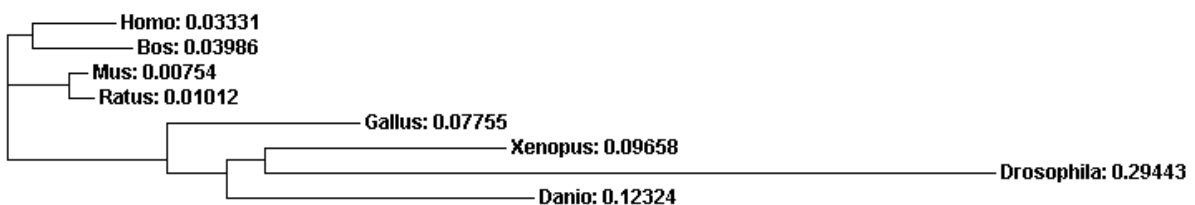
mit Blosum – Matrix (Rest default):



mit Default – Einstellungen



mit Blosum – Matrix; Gap Open = 1 & Gap Extension = 1.0



Unterschiede:

In unserem Programm werden Xenopus und Drosophila nicht als von gemeinsamen Vorfahren abstammend erzeugt, sondern jeweils als eigene Abspaltung erkannt. Diese Unterschiede im Ergebnis sind auf unterschiedliche Gap-Costs, andere Blosum-Matrix und vermutlich etwas anderer Algorithmus zurückzuführen. Dies kann man auch anhand der verschiedenen Abstände erkennen, die man durch unterschiedliche Settings erhält.

approx. working time: 21 hours (?)