## Übungsblatt 2

## Bewerten von Alignments (20%) Aufgabe 2.1

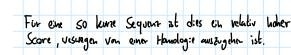
In der Vorlesung haben wir verschiedene Möglichkeiten besprochen um das Alignment von Sequenzen zu bewerten. Nun wollen wir das Alignment der folgenden Aminosäuresequenzen bewerten:

1. Prozedule Übereinstimmung ASKMVV

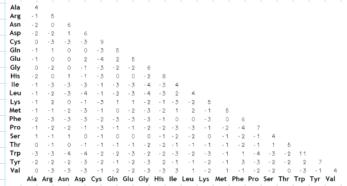
(1)

Hier I = 4 = 57 /

Nach der Faustregel, dass I > 30% für homologe Sequenzen sind diese beiden Sequenzen homolog, aller dings 1st eine Ammosäurrsequenz um 7 Medehölen zu hurz, un eine simmolik Aussage trellen zu komm.



Score: 4 + 1 + 5 + 5 - 1 + 4



## Aufgabe 2.2 Computergestütztes Bewerten von Alignments (30%)

Schreiben Sie ein R das ein Alignment aus einer Textdatei lädt und die prozentuale Übereinstimmung berechnet. Wenden Sie dies auf die Textdatei alignedSequencesCalmodulin.txt an. Wie hoch ist die prozentuale Übereinstimmung beider Sequenzen?

sehe vebung 2. R

## Needleman–Wunsch Algorithmus (30%)

Finden Sie das optimale Alignment der folgenden beiden DNA Sequenzen

$$G \quad C \quad A \quad T \quad G$$

$$G \quad A \quad T \quad T \quad A$$

$$(2)$$

Alignments:

 $\sigma$ G -1 +1-1  $\sigma$ C -1 -1  $\sigma$ Т -1 -1 +1 $\sigma$ 0

Wenden Sie (manuell, nicht am Computer) den Needleman-Wunsch Algorithmus an. Als Substitutionsmatrix verwenden Sie

	ŀ	G	۷	A	T	G	
-	0,	0	0	0	٥,	O	
G	0	1.	1	<b>3</b> 1	1	٦,	
Α	0	1	1	18.	'2`	12	
Т	0	Ά.	1,	12	3	3	
Т	٥	1.	"1	,2	131	-3	
Α	0	41-	,7	2	7	<b>,</b> 3	

-GCATG

Aligument

III - G C A - T - G - G - A T T A -6 = Q

