

Übung 2

2.4) Needleman-Wunsch Algorithmus

	—	G	A	T	T	A
—	0	-1	-2	-3	-4	-5
G	-1	1	0	-1	-2	-3
C	-2	0	0	-1	-2	-3
A	-3	-1	1	0	-1	0
T	-4	-2	0	2	3	2
G	-5	-3	-1	1	2	2

$\sigma = -1$

G C A T — G
G — A T T A

Score: 2

	—	G	A	T	T	A
—	0	0	0	0	0	0
G	0	1	1	1	1	1
C	0	1	1	1	1	1
A	0	1	2	2	2	2
T	0	1	2	3	3	3
G	0	1	2	3	3	3

$\sigma = 0$

G C A T — — G
G — A T T A —

Score: 3

↳ Lücken werden nicht bestraft, deshalb werden mehr eingefügt
↳ höherer Score mit Lücken = besser aligned

2.5.1) (Screenshot siehe Screenshot-BLAST.jpg)

- blastp (zum Vergleich von Proteinsequenzen)
- Bäckerhefe
- Hexokinase
- 99,73%
- 0.0 (keine Treffer werden rein zufällig gefunden → sehr guter Match)

2.5.2) mit Hilfe von FASTA:

an Pos. 401 ; D statt A

2.1.1) 66,6% Übereinstimmung

Übereinstimmung > 30% → Sequenzen wahrscheinlich homolog

2.1.2)

A	A	K	M	W	V
A	S	K	M	V	V
4	1	5	5	-3	4

⇒ Score von 16 was sagt mir
der Score jetzt?