

Bioinformatik Prüfung, 18.01.2008

Gruppe B

- 1) Berechnen der Laplace Wahrscheinlichkeit und des Erwartungswert
 - a) Wahrscheinlichkeit dass 1 und 2 bei einem Würfelexperiment (Würfelseiten bezeichnet mit 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8) zutrifft?
 - b) dem zugehörigen Erwartungswert bei 10 Würfeln?
- 2) Zeichnen eines Dotplots für A:= DDCCDDCD, B:= CDDCDDC
codieren $a_i = b_j = 2$ und $a_i \neq b_j = 0$.
Markieren Sie den längsten Teilstring
- 3) Eine Substitutionsmatrix für den Vergleich von Aminosäuresequenzen beruht auf dem Prinzip der/des:
 - a) Buchstabencodes der AS
 - b) relativen Isotopenzusammensetzung von AS
 - c) Sequenzabfolge der AS
 - d) chemischer Ähnlichkeit von AS
- 4) Was versteht man unter SNPs, wie ist deren Verteilung im Genom und wofür werden sie verwendet?
- 5) Erklären Sie die Funktionsweise von DNA Chip Microarrays, nennen Sie die wichtigsten Anwendungen?
- 6) What is the difference between p(observed) and d(estimated) genetic distances? Draw a scatter plot showing how these values correspond to each other. Explain why it is worthwhile to use both measures.
- 7) Explain homoplasy in molecular data. Simulate an example nucleotide alignment (minimum 3 steps of series of evolutionary transformations $t_{0\text{ancestral}}$ $\rightarrow t_1 \rightarrow t_{2\text{derived}}$) showing homologous and homoplasious characters.
- 8) How the reliability of phylogenetic tree can be estimated? Whether the repeated analysis would help you or there are analytical methods available?