

Prüfung Bioinformatik 6.2.2008

Gruppe B

- 1) Berechnen Sie die Levenstein-Distanz zwischen folgenden Zeichenketten: A: CATAATAG, B: CATATAG. Bewerten Sie die Übereinstimmung (a_i entspricht b_i) mit 0, Nichtübereinstimmung (a_i entspricht nicht b_i) mit 1 sowie einführen einer Lücke mit 2. Initialisieren Sie die Matrix mit 0,2,4,6,8,10, ($g=2$), etc.
- 2) Zeichnen Sie einen Dotplot mit den Zeichenketten A:=CCDDCD und B:=CDDCDDC und codieren Sie mit a_i entspricht $b_i = 2$, sowie a_i entspricht nicht $b_i = 0$. Markieren Sie den längsten Teilstring.
- 3) Welche 2 Algorithmen ermöglichen die Berechnung der Distanzen bzw. Ähnlichkeiten und die Ableitung ihres Alignments zwischen 2 DANN Sequenzen ungleicher Länge?
- 4) Erklären sie die Funktionsweise von DANN Chip Microarrays, welche Aussagen können durch den Einsatz von DANN Chip Microarrays erfolgen, nennen sie die wichtigsten Anwendungen (mindestens 5)?
- 5) Was versteht man unter ESTs bzw. EST-Banken, wie werden sie hergestellt, wozu können sie verwendet werden, welche Aussagen können durch ESTs getroffen werden?
- 6) Draw all possible ?????? trees resulting three taxas. How many trees do you get? Explain.
- 7) 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.
- 8) How the reliability of phylogenetic tree can be estimated? Whether the repeated analysis would help you or there are analytical methods available?