

biologischer Sequenzen

Klausur

WS 14/15

Stefanie

Hartmann

Gedächtnisprotokoll

Klausur

06.04.2018

=====  
=====

#### Aufgabe 1

-----

Dotplot zeichnen eines misaligned scaffolds das auf ein von 3 contigs zusammengefassten scaffold passt. Der Scaffold der 3 Contigs war aber falsch zusammengesetzt.

#### Aufgabe 2

-----

Berechnen sie den Score zweier Sequenzen, einem mit normalen einmal affinen penalties.

#### Aufgabe 3

-----

Homologie ist die Basis für? 4 Verfahren oder Gebiete nennen für die das zutrifft und bei einem näher beschreiben warum das so ist.

#### Aufgabe 4

-----

Blast Parameter und wie Sie eine stark gleiche, lange Sequenz effizient matchen können. Verschiedne Parameter nennen und Werte für diese nennen.

#### Aufgabe 5

-----

- a) Beschreibe das Verfahren der Subfunktionalisierung für Genretention.
- b) Warum beschreibt dieses besser die Evolutionäre Entwicklung als das des Neofunktionalisierung.

#### Aufgabe 6

-----

Im Kontext von Sequenzalignment: Womit korrespondieren im Profile HMM

- a) Hidden States
- b) Observed States
- c) Transition Probabilities
- d) Emission Probabilities

### Aufgabe 7

-----

- a) Beschreibe die Schritte des Basic progressive alignment Verfahren.
- b) Nenne zwei Verfahren wie man dieses verbessert hat und erkläre sie.

### Aufgabe 8

-----

- a) Erklären sie kurz genome annotation im extrinsic approach.
- b) Vor und Nachteile dieses Verfahrens nennen

### Aufgabe 9

-----

Wie kann man die Clades eines Baumes auf Korrektheit überprüfen kann?  
Nenne das Verfahren und beschreibe die Schritte.