

Scientific Computing II

Paarweises Sequenzalignment

Die Genetik ist ein Teilgebiet der Biologie. Sie befasst sich mit der Weitergabe von Genen von einer Generation an Lebewesen an ihre Nachkommen. Die biochemische Grundlage von Genen ist das Biomolekül Desoxyribonukleinsäure (DNS), engl. *deoxyribonucleic acid* (DNA). Dieses Molekül besteht aus einer Kette von elementaren Bausteinen, den Nukleotiden. Die spezifische Abfolge von Nukleotiden codiert Aminosäuresequenzen, welche wiederum die Bausteine von Proteinen sind. Proteine erfüllen je nach ihrer Zusammensetzung unterschiedliche Aufgaben und sind ein wesentlicher Teil aller Zellen; zum Beispiel ermöglicht Hämoglobin den Sauerstofftransport im Blut und Myosin ist als wesentlicher Bestandteil in Muskeln an der Umwandlung von chemischer in kinetische Energie beteiligt.

Das Bestimmen der funktionellen oder evolutionären Verwandtschaft von Nukleotid- und Aminosäuresequenzen mit computergestützten Methoden ist ein entscheidendes Teilgebiet der Genetik. Ein wichtiger Optimierungsalgorithmus aus der Bioinformatik zum paarweisen Vergleich von Nukleotid- oder Aminosäuresequenzen ist der Needleman-Wunsch-Algorithmus.



Künstlerische Darstellung von Nukleotidsequenzen

Aufgaben & Anforderungen

Im Rahmen dieser Studienarbeit ist es Ihre Aufgabe, die Grundlagen der Genetik und des paarweisen Sequenzalignment zu recherchieren. Außerdem ist es ihre Aufgabe, den Needleman-Wunsch-Algorithmus in Matlab zu implementieren und mit künstlichen erzeugten sowie realen Daten zu testen.

Bei Interesse oder Fragen wenden Sie sich bitte an Jan Voges oder scannen Sie den QR-Code:

Dipl.-Ing. Jan Voges
Appelstraße 9A (Hochhaus)
Raum 1312
Tel.: +49 511 762-5329
voges@tnt.uni-hannover.de

