
Abstract

A Columngeneration Approach for Multiple Sequence Alignment

Erik Pohl

17.7.2012

Laut der Evolutionstheorie entstehen biologische Arten durch Separation einer Population. Die beiden Populationen entwickeln sich durch Mutationen auseinander. Um den Verwandtschaftsgrad zweier Arten zu bestimmen, ist es also sinnvoll, die DNA dieser Arten zu vergleichen. Die Unterschiede in den Sequenzen lassen Rückschlüsse auf die Mutationen und somit auf den gemeinsamen Vorfahren zu. Das Problem der multiplen Sequenzalignierung kommt aus der Bioinformatik und hat zum Ziel, (DNA-) Sequenzen auf Ähnlichkeit zu untersuchen und geeignet darzustellen. Diese Problem ist unter jeder biologisch sinnvollen Scoring-Funktion NP-schwer. Der Vortrag wird eine kurze Einleitung zur multiplen Sequenzalignierung enthalten und es wird eine Methode vorgestellt, dieses Matching-Problem mithilfe eines Spaltengenerierungsalgorithmus zu lösen.