

Tehtävä 1. Alla on osa nuc44 pisteystymatriisia nukleotidien linjaamiseen.

	A	C	G	T	R
A	5	-4	-4	-4	1
C	-4	5	-4	-4	-4
G	-4	-4	5	-4	1
T	-4	-4	-4	5	-4
R	1	-4	1	-4	-1

Aukot pisteytetään lineaarisella sakolla jonka arvo on 10.

Muodosta sekvensseille ARCR and AGG optimaalinen linjaus käyttäen Needleman-Wunsch – algoritmia.

Tehtävä 2. Valitse **jompikumpi** allaolevista testeistä ja selitä sen periaate yksityiskohtaisesti

- TDT-testi (Transmission-Disequilibrium Test)
- ASP-testi (Affected sib pair)

Tehtävä 3.

- Selitä miten yhteisinformaation avulla voidaan tarkistaa määrittääkö totuusarvoinen (0/1) datavirta A toisen datavirran B arvot.
- Selvitä lyhyesti seuraavien menetelmien periaate (algoritmia ei vaadita) fylogeneettisten puiden rakentamisessa: etäisyyspohjaiset menetelmät, suurimman parsimonian menetelmät (niukkuusmenetelmät) ja suurimman uskottavuuden menetelmät.

Tehtävä 4.

- Selitä miten bootstrap-menetelmällä voidaan arvioida tuloksen luotettavuutta kun etsitään fylogeneettistä puuta tai Bayes-verkon rakennetta.
- Piirrä puhdas konsensuspuu seuraaville kladogrammeille

