

# Vorlesung BIM-6/7IMB

Kurs: Prof. Gumbel

Gruppe: 02

Hiermit bestätigen wir, dass wir die Lösungen selbstständig erarbeitet haben:

Datum: 22.11.2015

Name	Matrikelnr.	Unterschrift
Juliane Weilbach	1227907	
Driton Goxhufi	1126139	
Stefan Schneider	1233937	

## Aufgabenblatt Nr. 2

Bearbeitete Aufgaben:

- 1.1, 1.2
- 2.1, 2.2, 2.3
- 3.1, 3.1

# Aufgabe 1

1.1 + 1.2

Die Datenbank CTD liefert zu Hepatitis C insgesamt 11.586 Ergebnisse für Gene, die in irgendeiner Art mit der Krankheit zusammenhängen.

Besonders hervorzuheben sind dabei 20 Gene, für die ein direkter Zusammenhang erwiesen ist und entweder als sogenannte Biomarker bekannt sind (können beispielsweise den Ausbruch der Krankheit beeinflussen) oder für therapeutische Zwecke eine Rolle spielen, indem man etwa deren Expression unterdrückt. Die Aminosäuresequenz stammt aus der Datenbank UniprotKB, die Positionen und Variationanzahl („Transcripts (Splice Variants)“) aus Ensembl.

Marker (Reihenfolge nach dem „Inference Score“):

Gen	Variation n	Position	Aminosäuresequenz
CYP3A4		<a href="#">Chromosome 7: 99,756,960-99,784,265</a> reverse strand	MALIPDLAMETWLLLA VSLVLLYLYGTHSHGLFKKLGI PGTPPLPF LGNILSYHKGF CMFDM ECHKYGVWGFYDGGQPVLAITDPDMIKT VLVKECYSVFTNRRPFGPVGMKSAISIAEDEEWKRLRSLLSPTFT SGKLKEMVPIIAQYGDVLRNLRREAETGKPVTLKDVFGAYSMDVI TSTSFGVNIDSLNNPQDPFVENTKKLLRFDLDPFFLSITVFPFLI PILEV LNICVFPREV TNFLRKS VKRMKESRLED TQKHRVD FLQLMI DSQNSKETESHKALSDLELVAQSIIFIFAGYETTSSVLSFIMYELA THPDVQQKLQEEIDAVLPNKAPPTYDTVLQMEYLD MVVNETLR LFP IAMRLERVCKKDVEINGMFIPKGVVVMIPSYALHRDPKYWTEPEKF LPERFSKKNKDNIDPYIYTPFGSGPRNCIGMRFALMNMKLALIRVL QNFSEKPKETQIPLKLSLGGLLQPEKPVVLKVESRDGTVSGA
IFNG		<a href="#">Chromosome 12: 68,154,768-68,159,747</a> reverse strand	MKYTSYILAFQLCIVLGS LGCYCQDPYVKEAENLK KYFNAGHSDVA DNGTLFLGILKNWKEESDRKIMQSQIVSFYFKLFKNFKDDQSIQKS VETIKEDMNVKFFNSNKKKRDDFEKLTNYSVTDLNVQRKAIHELIQ VMAELSPA AKTGKRKRSQMLFRGRASQ
IFNL3	u.a. <a href="#">rs12979860</a> CC	<a href="#">Chromosome 19: 39,243,553-39,245,129</a> reverse strand	MTGDCMPVLV LMAAVLTVTGAVPVARLRGALPDARGCHIAQFKSL PQELQAFKRAKDALEESLLKDKCERSR LFPRTWDLRQLQVRERP V ALEAELALTLKVLEATADTD PALGDVLDQPLHTLHHILS QL RACIQ PQPTAGPRTRGR LHHWHLR LQEAPKKE SPGCLEASVT FNLFRL LTR DLNCVASGDLCV
CCR5		<a href="#">Chromosome 3: 46,370,854-46,376,206</a> forward strand	MDYQVSSPIYDINYYTSEPCQKINVKQIAARLLPPLYSLVFIFGFV GNMLVILILINCKRLKSMTDIYLLNLAISDLFFLLTVPFWAHYAAA QWDFGNTMCQLLTGLYFIFGFFSGIFFIILLTIDRYLAVVHAVFALK ARTVTFGVVTSVITWVAVFASLPGIIFTRSQKEGLHYTCSSHFY SQYQFWKNFQTLKIVILGLVLP LLVMVICYSGILKTL LRCRNEKKR HRAVRLIFTIMIVYFLFWAPYNIVLLNTFQE FFLNCCSSNR LD QAMQVTETLGMTHCCINPIIYAFVGEKFRNYLLVFFQKHI AKR FCK CCSIFQQEAPERASSVYTRSTGEQEISVGL
SCARB1		<a href="#">Chromosome 12: 124,776,856-124,882,668</a> reverse strand	MGCSAKARWAAGALGVAGLLCAVLGAVMIVMVPSLIKQQLKNVRI DPSSLSFNMWKEIPIPFYLSVYFFDVMNPSEILKGEKPQVRERGPY VYREFRHKSNITFNNDTVSFLEYRTFQFQPSKSHGSESDYIVMPN ILVLGAAVMMENKPM TLKIMTLAFTTLGERAFMNR TVGEIMWGYK DPLVNLINKYFPGMF PFKDKFGLFAELNNSD SGLFTVFTGVQNISR IHLVDKWNGLSKVDFWHSQCNMINGTSGQMPPFMTPESSLEFYS PEACRSMKLMYKESGVFEGIPTYRFVAPKTLFANGSIYPPNEGFCP CLESIGIQNVSTCRFSAPLFLSHPHFLNADPVLAEAVTGLHPNQEAH SLFLDIHPVTGIPMNC SVKLQLSLYMKVAGIGQTGKIEPVVLP LLW FAESGAMEGETLHTFYTQLV LMPKEKCYLFWSSSKKGSKDKEAIQA YSESLMTSAPKGSVLQEAKL
DDX58		<a href="#">Chromosome 9: 32,455,705-</a>	MTTEQRRLQAFQDYIRKTLDP TYILSYMAPWFREEEVQYIQA EKN NKGPM EAATLFLKFLLELQEEGWRGFLDALDHAGYSGLYEAIESW

		<a href="#">32,526,324</a> reverse strand	DFKKIEKLEEYRLLLKRLQPEFKTRIPTDIISDLSECLINQEECE ILQICSTKGMMAGAEKLVECLLRSDKENWPKTLKLALEKERNKFSE LWIVEKGIKDVETEDLEDKMETSDIQIFYQEDPECQNLSENSCPPS EVSDTNLYSPFKPRNYQLELALPAMKGKNTIICAPTGCCKTFVSL ICEHHLKKFPQGGQKGVFFANQIPVYEQQKSVFSKYFERHGYRVT GISGATAENVPVEQIVENNDIIILTPQILVNNLKKGTIPSLSIFTL MIFDECHNTSKQHPYNMIMFNLYLDQKLGGSSGPLPQVIGLTASVGV GDAKNTDEALDYICKLCASLDASVIATVKHNLEEQVVYPQKFF RKVESRISDKFKYIIAQLMRDTESLAKRICKDLENLSQIQNREFGT QKYEQWIVTVQKACMVFMQMPDKDEESRICKALFLYTSHLRKYNDAL IISEHARMKDALDYLKDDFFSNVRAAGFDEIEQDLTQRFEELQLE SVSRDPSNENPKLEDLCFILQEEYHLNPETITILFVKTRALVDALK NWIEGNPKLSFLKPGILTGRGKTNTGMTLPAQKCILDADFASGD HNILIATSVADEGIDIAQCNLVILYEYVGNVIKMIQTRGRGRAGS KCFLLTSNAGVIEKEQINMYKEKMMNDSILRLQTWDEAVFREKILH IQTHEKFIRDSQEKPKVPDPKENKKLLCRCKKALACYTADVRVIEE CHYTVLGDAFKECFVSRPHPKPKQFSSFEKRAKIFCARQNCSDHWG IHKYKTFEIPVIKIESFVVEDIATGVQTLYSKWKDFHFEKIPFDP AEMSK
OPRM1		<a href="#">Chromosome 6: 154,010,496-154,246,867</a> forward strand	MDSSAAPTNASNCTDALAYSSCSPAPSPGSWNLSHLDGNLSDPCG PNRTDLGGRDCLCPPTGSPSMITAITIMALYSIVCVVGLFGNFLVM YVIVRYTKMKTATNIYIFNLALADALATSTLPFQSVNYLMGTWPF TILCKIVISIDYNNMFTSIFTLCTMSVDRIYAVCHPVKALDFRTPR NAKIINVCNWILSSAIGLPVMFMATTKYRQGSIDCTLTFSHPTWYW ENLLKICVFIFAFIMPVLIITVCYGLMILRLKSVRMLSGSKEKDRN LRRITRMVLVVAVFIVCWTPIHIVYIIKALVTIPETTFQTVSWHF CIALGYTNSCLNPVLYAFLDENFKRCFREFCIPTSSNIEQQNSTRI RQNRDHPSTANTVDRTNHQLENLEAETAPLP
LOX		<a href="#">Chromosome 5: 122,063,195-122,078,285</a> reverse strand	MALANEIMGSRILIFERSSSLASPFHSRFSIKKKTQRTQFSINFPDP RPMRAVNSSGVVAAISEDLVKTLRISTVGRKQKEEEEEESVKFKV RAVATVRNKNKEDFKETLVKHLDAFTDKIGRNVVLELMSTQVDPKT NEPKKSAAVLKDWSSKSNKAERVHYTAEFTVDSAFGSPGAITVT NKHQKEFFLESITIEGFACGPVHFPCNSWVQSQKDHPSKRILFTNQ PYLPSETPSGLRTLREKELENLRGNKGGERKLSDRIDYDYVYNDIG NPDISRELARPTLGGREFPYPRRCRTGRSSTDMDMSERRVEKPLP MYVPRDEQFEESKQNTFAACRLKAVLHNLIPSLKASILAEDFANFG EIDSLYKEGLLLKLGFQDDMFKKFPLPKIVTTLQKSSEGLLRYDTP KIVSKDKYAWLRDDEFARQAIAGINPVNIERTVSYPVSNLDPEIY GPGHLHALTEDHIIGQLDGLTVQQALETNRLFMVDYHDIYLPFLDR INALDGRKAYATRTILFLTRLGTLKPIAIELSLPSQSSSNQKSKRV VTPPVDATSNWMWQLAKAHVGSNDAGVHQLVNHWRTHACLEPFI AAHRQLSAMHPIFKLLDPHMRYTLEINAVARQTLISADGVIESCFT AGQYGLEISSAAYKNKWRFDMEGLPADLIRRGMAVPDPTQPHGLKL LVEDYPYANDGLLLWSAIQTWVRTYVERYANSNLIQTDTQLQAWY SESINVGHADHRDAEWPKLSTVEDLVSVITTIWLASAQHAALNF GQYPYGGYVPNRPPLMRRLIPDESDEFTSFIEDPQKYFFSSMPSL LQTTKFMAVVDTLSTHSPDEEYIGERQQPSIWTGD AEIVDAFYGFS AEIGRIEKEIDKRNDRDPSRRNRCGAG VLPYELMAPSSEPVGVTCTGVPNSVSI
CD81		<a href="#">Chromosome 11: 2,376,177-2,397,419</a> forward strand	MGEVGCTKCIKYLFFVNFVFWLAGGVILGVALWLRHDPQTNNLLY LELGDKPAPNTFYVGIYILIAVGAVMMFVGFLGCYGAIQESQCLLG TFFTCLVILFACEVAAGIWFVVKDQIAKDVQFYDQALQQAVVDD DANNAKAVVKTFFHETLDCCGSSTLTALTTSVLKNNLCPSGSNIISN LFKEDCHQKIDDLFSGKLYLIGIAAIVVAVIMIFEMILSMVLCCGI RNSSVY
HFE		<a href="#">Chromosome 6: 26,087,281-26,098,343</a> forward strand	MGPRARPALLLLMLLQTAVLQGRLLRSHSLHYLFMGASEQDLGLSL FEALGYVDDQLFVFDHESRRVEPRTPWSSRISSQMWLQLSQSLK GWDHMTFTVDFWTIMENHNHSHKESHTLQVILGCEMQEDNSTEGYWKY GYDGGDHLEFCPDTLDWRAAEPRAWPTKLEWERHKIRARQNRAYLE RDCPAQLQQLLELGRGVLDQQEGSESSSLPGKVTTLRCLALNYPQ NITMKWLKDKQPMDAKEFEPKDVLPNGDGTYYQGWITLAVPPGEEQR YTCQVEHPGLDQPLIIVIWEPSPSGLTVIGVISGIAVFWVILFIGIL FIILRKRQGSRGAMGHYVLAERE

LOXL2		<a href="#">Chromosome 8: 23,297,189-23,425,328</a> reverse strand.	MERPLCSHLCSCLAMLALLSPLSLAQYDSWPHYPEYFQQPAPEYHQ PQAPANVAKIQLRLAGQKRKHSEGRVEVYDQGWTVCDDFSIIHA AHVVCRELGYVEAKSWTASSSYGKGEGPIWLDNLHCTGNEATLAAC TSNGWGVTDCKHTEDVGVVCSDKRIPGFKFDNSLINQIENLNIQVE DIRIRAILSTYRKRTPVMEGYVEVKEGKTWKQICDKHWTAKNSRVV CGMFGFPGERTYNTKVYKMFASRRKQRYWPFSDCTGTEAHISSCK LGPQVSLDPMKNVTCENGLPAVVSCVPGQVFSPDGPSPFRKAYKPE QPLVRLGGAYIGEGRVEVLKNGEWGTVCDKDWLVSASVVCRELG FGSAKEAVTGSRLGQGIGPIHLNEIQCTGNEKSIIDCKFNAESQGC NHEEDAGVRCNTPAMGLQKKLRLNGGRNPYEGRVEVLVERNGLVW GMVCGQNWGIEMVVCRLGLGFASNAFQETWYWHGDVNSNKVVM SGVKCSGTSLAHCRRHDGEDVACQGGVQYGAGVACSETAPDLVL NAEMVQQTTYLEDPMFMLQCAMREENCLSASAAQTDPTTYGRLRLR FSSQIHNNGQSDFRPKNGRHAWIWHDCRHHYHSMVEFTHYDLLNLN GTKVAEGHKASFLEDTECEGDIQKNYECANFGDQGITMGCWDMYR HDIDCQWVDITDVPPGDYLFQVVINPNFEVAESDYSNNIMKCRSRY DGHRIWMYNCHIGGSFSEETEKKEFEHFGSLNNQLSPQ
CYP2A6		<a href="#">Chromosome 19: 40,843,538-40,882,210</a> reverse strand	MLASGMLLVALLVCLTVMVLSVWQQRKSKGLPPGPTPLPFIGNY LQLNTEQMYNSLMKISERYGPVFTIHLGPRRVVVLCGHDAVREALV DQAEFSGRGEQATFDWVFKGYGVVFSNGERAKQLRRFSIATLRDF GVGKRGEIERIQEEAGFLIDALRGTTGGANIDPTFFLSRTVSNVISS IVFGDRFDYKDKFSLSLRMMLGIFQFTSTSTGQLYEMFSSVMKHL PGPQQQAFQLLQGLEDFIAKKVEHNQRTLDPNSPRDFIDSFIRLMQ EEEKNPNTFYLKNLVMTTNLFIGGTETVSTTLRYGFLLMKHPE VEAKVHEEIDRVIGKNRQPKFEDRAKMPYMEAVIHEIQRFQDVIPM SLARRVKKDTKFRDFFLPKGTEVFPMGLSVLRDPSFFSNPQDFNPQ HFLNEKGQFKKSDAFVFPFISGKRNCFGEGLARMELFFFTTVMQNF RLKSSQSPKIDIVSPKHVGFATIPRNYTMSFLPR
PTPRC	1 Allel	<a href="#">Chromosome 1: 198,638,671-198,757,283</a> forward strand.	MYLWLKLLAFGFAFLDTEVFVTGQSPSPSTGLTTAKMPSVPLSSD PLPHTHTAFSPASTFERENDFSETTSLSPDNTSTQVSPDSLNDAS AFNTTGVSQVTPHLPHTADSQTSPAGTDQTFSGSAANAKLNPTP GSNAISDAYLNASETTTLSPSGSAVISTTTIATTPSKPTCDEKYAN ITVDYLYNKETKLFATAKLVNENVECGNNTCTNNEVHNLTECKNAS VSISHNSCTAPDKTLILDVPPGVEKFQLHDCTQVEKADTTICLKWK NIETFTCDTQNIITYRFQCGNMIFDNKEIKLENLEPEHEYKCDSEIL YNNHKFTNASKIIKTDGSPGEPQIIFCRSEAAHQGVITWNPPQRS FHNFTLCYIKETEKDCLNLDKNLIKYDLQNLKPYTKYVLSLHAYII AKVQRNGSAAMCHFTTKSAPPSQVWNMTVSMTSDNSMHVKCRPPRD RNGPHERYHLEVEAGNTLVRNESHKNCDFRVKDLQYSTDYTFKAYF HNGDYPGEPFILHHSTSYNSKALIAFLAFLIIVTSIALLVLYKIY DLHKRSCNLDQQLVERDDEKQLMNVEPIHADILLLETYKRKIAD EGRLFALAEFQSIPIRVFSKFPIKEARKPFNQKNRYVDILPYDYNRV ELSEINGDAGSNYINASYIDGFKEPRKYIAAQGRDETVDDFWRMI WEQKATVIVMTRCEEGRNKNCAEYWPSMEEGTRAFGDVVVKINQH KRCPDYIIQKLNIIVNKKKKK
ITGB6		<a href="#">Chromosome 2: 160,099,666-160,271,888</a> reverse strand.	MGIELLCLFFLFLGRNDHVQGGCALGGAETCEDCLLIGPQCAWCAQ ENFTHPSGVGERCDTPANLLAKGCQLNFIENPVSQVEILKNKPLSV GRQKNSSDIVQIAPQSLILKLRPGGAQTLQVHVRQTEDYPVDLYYL MDLSASMDDDLNTIKELGSRLSKEMSKLTSNFRLLGFGSFVEKPVSP FVKTTPEEIANPCSSIPYFCLPTFGFKHILPLTNDARFNEIVKNQ KISANIDTPEGGFDAIMQAAVCKEIKIGWRNDSLHLLVFVSDADSHF GMDSKLAGIVIPNDGLCHLDSKNEYSMTVLEYPTIGQLIDKLQVN NVLLIFAVTQEQVHLYENYAKLIPGATVGLLQKDSGNILQLIISAY EELRSEVELEVLGDTEGLNLSFTAICNNGTLFQHQQKCSHMKVGD ASFVSVTNIPHCCERRSRHIIKPVGLGDALELLVSPECNCDQKEV EVNSSKCHHGNGSFQCGVCACHPGHMGPRCECGEDMLSTDSCKEAP DHPSCSGRGDCYCGQCICHLSPYGNIGPYCQCDNFSCVRHKGLLC GGNGDCDCGECVCRSGWTGEYCNCCTSTDSCVSEGDVLCSGRGDCV CGKCVCTNPGASGPTCERCPTCGDPCNSKRSCIECHLSAAGQAREE CVDKCKLAGATISEEEDFSKDGSVSCSLQGENECLITFLITTDNEG KTIHSINEKDCPKPPNIPMIMLVSLAILLIGVLLCIWKLVLVSF HDRKEVAKFEAERSKAKWQTGTNPLYRGSTSTFKNVTYKHREKQKV DLSTDC

Therapeutisch von Bedeutung:

LPL		<a href="#">Chromosome 8: 19,901,717-19,967,258</a> forward strand.	MESKALLVLT LAVWLQSLTASRGGVAAADQRRDFIDIESKFALRTP EDTAEDTCHLIPGVAESVATCHFVNHSSKTFMVIHGWTVTGMYESWV PKLVAALYKREPDSNVIVVDWLSRAQEHYPVSAGYTKLVGQDVARF INWMEEEFNYPLDNVHLLGYSLGAHAAGIAGSLTNKKVNRIT GLDPAGPNFEYAEAPSRSPDDADFVDLHTFTRGSPGRSIGIQKP VGHVDIYPNGGTFQPGCNIGEAIRVIAERGLGDVDQLVKCSHERSI HLFIDSLNEENPSKAYRCSSKEAFEKGLCLSCRKNRCNNLGYEIN KVRAKRSSKMYLKTRSQMPYKVFHYQVKIHFSGTESEHTNQ AFEISLYGTVAESENIPFTLPEVSTNKTYSFLLIYTEVDIGELMLK LKWKSDSYFSWSDWWSSPGFAIQIRVKAGETQKKVIFCSREKVSH LQKGKAPAVFVKCHDKSLNKKSG
IFNA2		<a href="#">Chromosome 9: 21,384,254-21,385,388</a> reverse strand	MALTFALLVALLVLSCKSSCSVGCPLPQTHSLGSRRTLMLLAQMRK ISLFSLCKDRHDFGFPQEEFGNQFQAETIPVLHEMIQQIFNLFST KDSSAAWDETLDDKFYTELYQQLEACVIQGVGTETPLMKEDS ILAVRKYFQRITLYLKEKKYSPCAWEVVRAEIMRSFSLSTNLQESL RSKE

Eines der wichtigsten Gene im Zusammenhang mit der Krankheit scheint **IFNL3** zu sein. Während die meisten gefundenen Gene auch noch mit vielen weiteren Krankheiten in Verbindung gebracht werden können, wirkt sich IFNL3 hauptsächlich auf Hepatitis C aus.

Laut der Datenbank PharmGKB reagieren Patienten mit der Variation [rs12979860](#) CC besonders häufig positiv auf die Therapie mit peginterferon alfa-2a, gemeinsam verabreicht mit Ribavirin , der häufigsten Therapiemaßnahme bei Hepatitis C.

Weitere Wirkstoffe: Cyclosporine, Sofosbuvir, Morphinum, Vitamin E + A,

## Aufgabe 2

### Aufgabe 2.1

Anhang Java Datei:

-Aufgabe21.java

-----CODE:-----

```
import net.gumbix.dynpro.Idx;
import net.gumbix.dynpro.IntDynPro;
import net.gumbix.dynpro.PathEntry;
import scala.Option;
import scala.Some;
import scala.collection.immutable.List;
/**
 * Created by d.goxhufi on 17.11.2015.
 */
public class Aufgabe21 extends IntDynPro {
    public static void main(String[] args) {
        String[] s = {"$", "C", "G", "A", "T", "C", "C", "T", "G", "T"};
        //----- test mit einer identischen sequenz -----
        // String[] t = {"$", "C", "G", "A", "T", "C", "C", "T", "G", "T"};
        String[] t = {"$", "C", "A", "T", "C", "G", "C", "C", "T", "T"};
        Aufgabe21 dp = new Aufgabe21(s, t);
        Idx sim = new Idx(s.length - 1, t.length - 1);
        List<PathEntry<Integer>> solution = dp.solution(sim);
        System.out.println(solution);
        System.out.println(dp.mkMatrixString(solution));
    }
    // decisions
    public static final int START = 0; // Startwert 0
    public static final int B = 1; // Both, steht für das gleichzeitige
    // abarbeiten der basen beider sequenzen s und t
    public static final int I = 123; // I(nsert) und DEL(etion) werden
    // beides mit -2 bewertet welches dann als GAP initialisiert wird
    public static final int DEL = 456; // DEL
    public static final int GAP = -2; // Bewertung einer Lücke
    private String[] s;
    private String[] t;
    public Aufgabe21(String[] s, String[] t) {
        //die zwei Sequenzen s und t
        this.s = s;
        this.t = t;
    }
    // Größe der Matrix festlegen
    @Override
    public int n() {
        return s.length;
    }
    @Override
    public int m() {
```

```

        return t.length;
    }
    //Auffüllen der Matrix
    @Override
    public double value(Idx idx, Integer d) {
        if (d.equals(START)) {
            return START;
        } else if (d.equals(DEL)) {
            //return g
            return +GAP;
        } else if (d.equals(I)) {
            return +GAP;
        } else if (d.equals(B)) {
            if (s[idx.i()].equalsIgnoreCase(t[idx.j()])) {
                return +B;
            } else return -1;
        }
        return 0;
    }
    /*Entscheidungstabelle, siehe Folie 40.17 */
    @Override
    public Integer[] decisions(Idx idx) {
        if (idx.i() == 0 && idx.j() == 0) {
            return new Integer[]{START};
        } else if (idx.i() == 0) {
            return new Integer[]{I};
        } else if (idx.j() == 0) {
            return new Integer[]{DEL};
        } else {
            return new Integer[]{I, DEL, B};
        }
    }
    // Traceback function für die abfrage des vorherigen zustandes
    ausgehend von dem Zustand idx
    @Override
    public Idx[] prevStates(Idx idx, Integer d) {
        Idx pidx;
        if (d.equals(I)) {
            pidx = new Idx(idx.i(), idx.j() - 1);
            return new Idx[]{pidx};
        } else if (d.equals(DEL)) {
            pidx = new Idx(idx.i() - 1, idx.j());
            return new Idx[]{pidx};
        } else if (d.equals(B)) {
            pidx = new Idx(idx.i() - 1, idx.j() - 1);
            return new Idx[]{pidx};
        } else return new Idx[]{};
    }
    //Beschriftung der Zeilen mit der Sequenz s
    @Override
    public String[] rowLabels() {
        return s;
    }
    //Beschriftung der Spalten mit einer Sequenz t

```

```

@Override
public Option<String[]> columnLabels() {
    // Sei u ein Array der Länge m (Anzahl Spalten)
    return new Some<>(t);
}
// @Override
// public double extremeFunction(double x1, double x2){
//     return super.extremeFunction(x1, x2);
// }
// @Override
// public Formatter formatter(){
//     Formatter formatter = new Formatter();
//     return formatter;
// }
}

```

C	-	A	T	C	G	C	C	T	T	
C	G	A	T	C	-	C	T	G	T	sim
1	-2	1	1	1	-2	1	-1	-1	1	= 0

## Aufgabe 2.2

### a)GLOBAL-ALIGNMENT

>> [Score, Alignment, Start] = nwalgn(Seq1, Seq2, 'Alphabet', AlphabetValue)

Score =

1.6639 <<<

Alignment =

CGATC-CTGT

| | | | |

C-ATCGCCTT

Start = <<<

1

1



## b)LOCAL-ALIGNMENT

```
>> [Score, Alignment, Start] = swalign(Seq1, Seq2, 'Alphabet', AlphabetValue)
```

Score =

**4.1597** ←← Score ist um ca.2.5 Punkte besser als im Global

Alignment =

ATC

|||

ATC

**Start =** ←← local startet in der mitte mit den 3 Matches "ATC"

3

2

## Aufgabe 2.3

### a)Local

```
>> AA1 = 'KIQYKREPNIPSVSLNSLFAWEIRDRI';
```

```
>> AA2 = 'KAQYRRECMIFVWEINRL';
```

```
>> [Score, Alignment, Start] = swalign(AA1, AA2, 'ScoringMatrix', 'BLOSUM62', 'Showscore', 'true')
```

Score =

**14** ←← Score Unterschied is beträchtlich

Alignment =

KIQYKRE

| ||:||

KAQYRRE

Start =

1

1

## b) Global

```
>> [Score, Alignment, Start] = nwalign(AA1, AA2, 'ScoringMatrix', 'BLOSUM62', 'Showscore', 'true')
```

Score =

-6.5000 ←← Score Unterschied von 20.5 zu local

Alignment =

KIQYKREPNIPSVSLINSLFAWEIRDRI

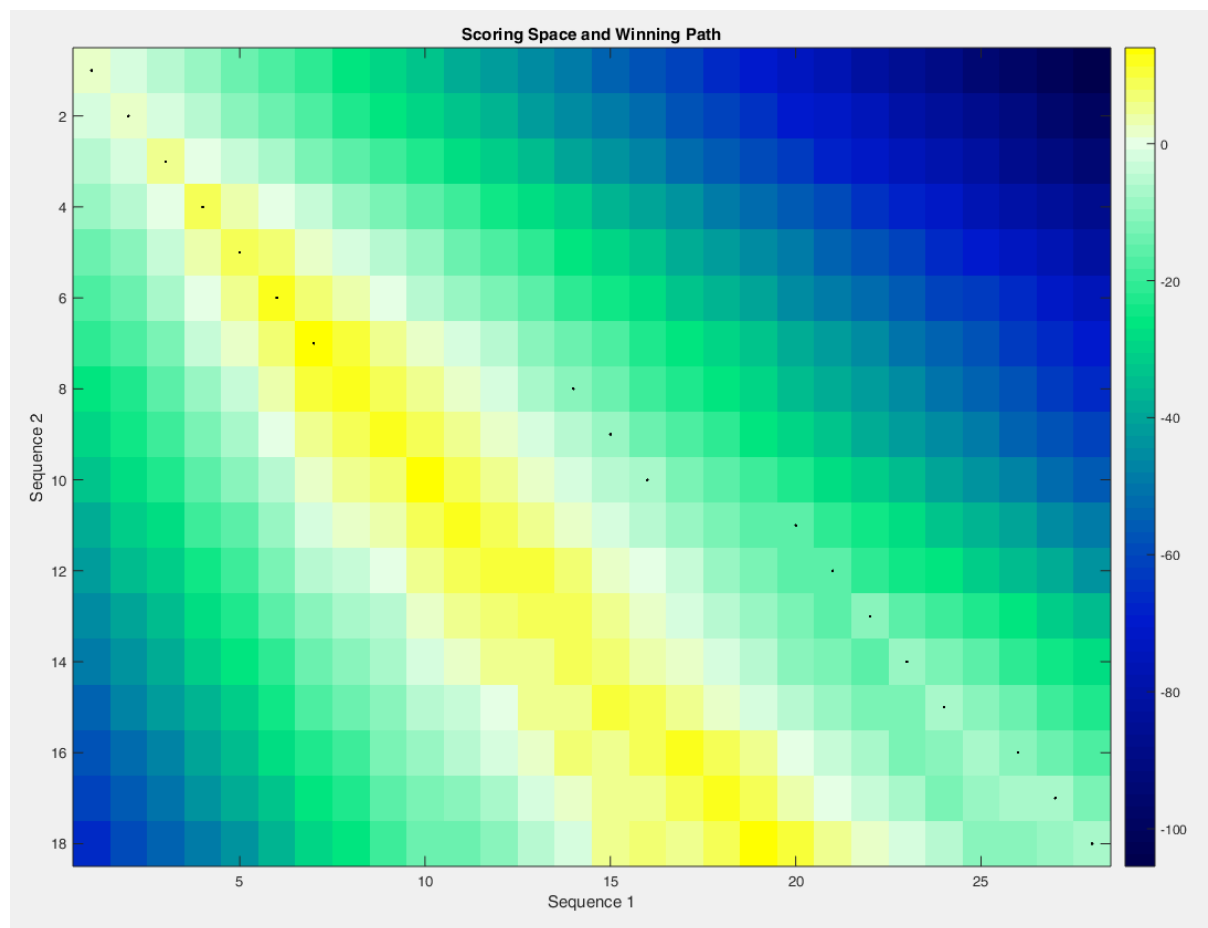
| ||:|| :| |:||| :|:

KAQYRRE-----CMI---FVWEI-NRL

Start =

1

1




## Aufgabe 3.1


Gen: NR1H4

Chromosome 12: 100,473,708-100,564,413


### Results for BLAT against Human GRCh38 (Genomic sequence)

#### Job details

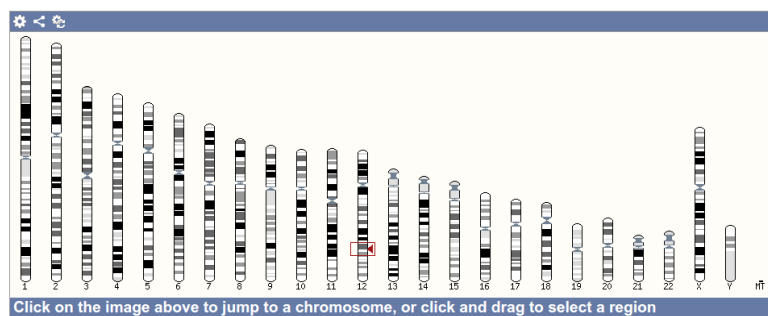
Job name BLAT against Human GRCh38 (Genomic sequence)  
Species  Human (Homo sapiens)  
Assembly GRCh38  
Search type BLAT

 Download results file

#### Results table

Show/hide columns (2 hidden)		Filter 							
Genomic Location	Overlapping Gene(s)	Orientation	Query start	Query end	Length	Score	E-val	%ID	
12:100473961-100474260 <a href="#">[Sequence]</a>	NR1H4	Forward	1	300	300 <a href="#">[Sequence]</a>	580.0	7.9e-166	100.00	<a href="#">[Alignment]</a>

#### HSP distribution on genome:



## Aufgabe 3.2

interferon, lambda 3