

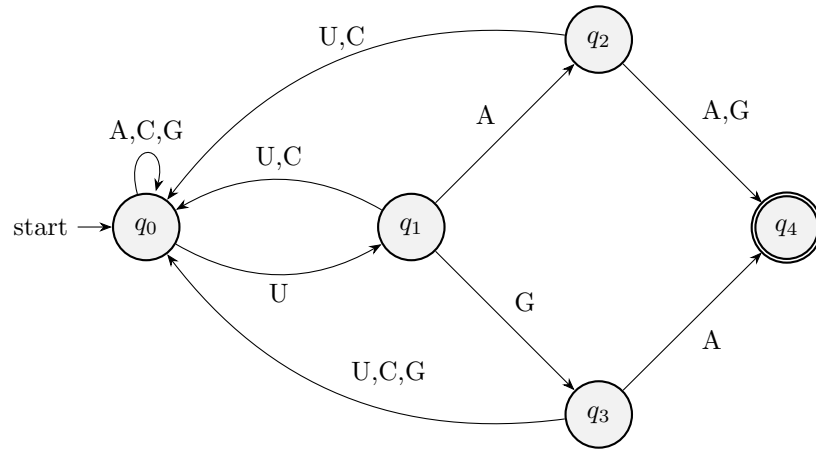
# Algoritmi v bioinformatiki - 1. Domača naloga

Jan Panjan

March 22, 2025

1. *Konstruirajte deterministični končni avtomat, ki v mRNK materialu prepozna zaključne kodone.*

(a) Grafično:



(b) S formalnim opisom peterike  $[\Sigma, Q, q_0, F, \delta]$ :

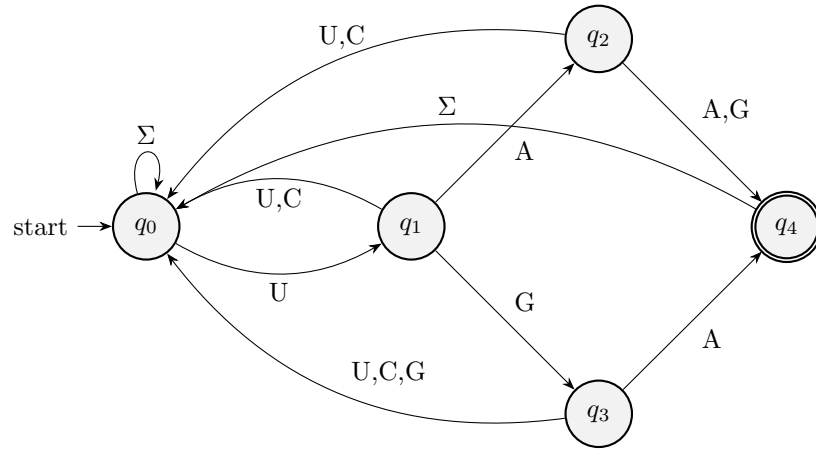
- $\Sigma = \{A, U, C, G\}$
- $Q = \{q_1, q_2, q_3, q_4\}$
- $q_0 = q_0$
- $F = \{q_4\}$

$\delta$	A	U	C	G
0	$q_0$	$q_1$	$q_0$	$q_0$
1	$q_2$	$q_0$	$q_0$	$q_3$
2	$q_4$	$q_0$	$q_0$	$q_4$
3	$q_4$	$q_0$	$q_0$	$q_0$
4	/	/	/	/

2. Kako se rešitev 1. naloge spremeni, če želimo s pomočjo končnega avtomata poiskati vse pojavitve zaključnih kodonov? Zapišite algoritem in ponazorite njegovo delovanje na delu mRNK AUAUAAUGCUUGA. Koliko zaključnih kodonov vsebuje dani mRNK?

Njegovo končno stanje se spremeni, tako da ponovno začne iskati vzorec, ko pride enkrat do končnega stanja. To je vidno grafično kot povezava od  $q_4$  do  $q_0$  in spremenjene vrednosti v zadnji vrstici  $\delta$ -tabele.

(a) Grafično:



(b) S formalnim opisom peterike  $[\Sigma, Q, q_0, F, \delta]$ :

- $\Sigma = \{A, U, C, G\}$
- $Q = \{q_1, q_2, q_3, q_4\}$
- $q_0 = q_0$
- $F = \{q_4\}$

$\delta$	A	U	C	G
0	$q_0$	$q_1$	$q_0$	$q_0$
1	$q_2$	$q_0$	$q_0$	$q_3$
2	$q_4$	$q_0$	$q_0$	$q_4$
3	$q_4$	$q_0$	$q_0$	$q_0$
4	$q_0$	$q_0$	$q_0$	$q_0$

**Algoritem za iskanje STOP kodonov v mRNA vzorcu:** algoritem za izgradnjo  $\delta$ -tabele smo podali na vajah in ga ne bom ponovno napisal. Predpostavljam torej, da je tabela za naš končni avtomat že izgrajena. Iskanje vzorca v besedilu AUAUAAUGCUUGA poteka tako:

$q$		0	1	2	0	0								
$l$		A	U	A	U	A	A	U	G	C	U	U	G	A