

## Aufgabe 8.1:

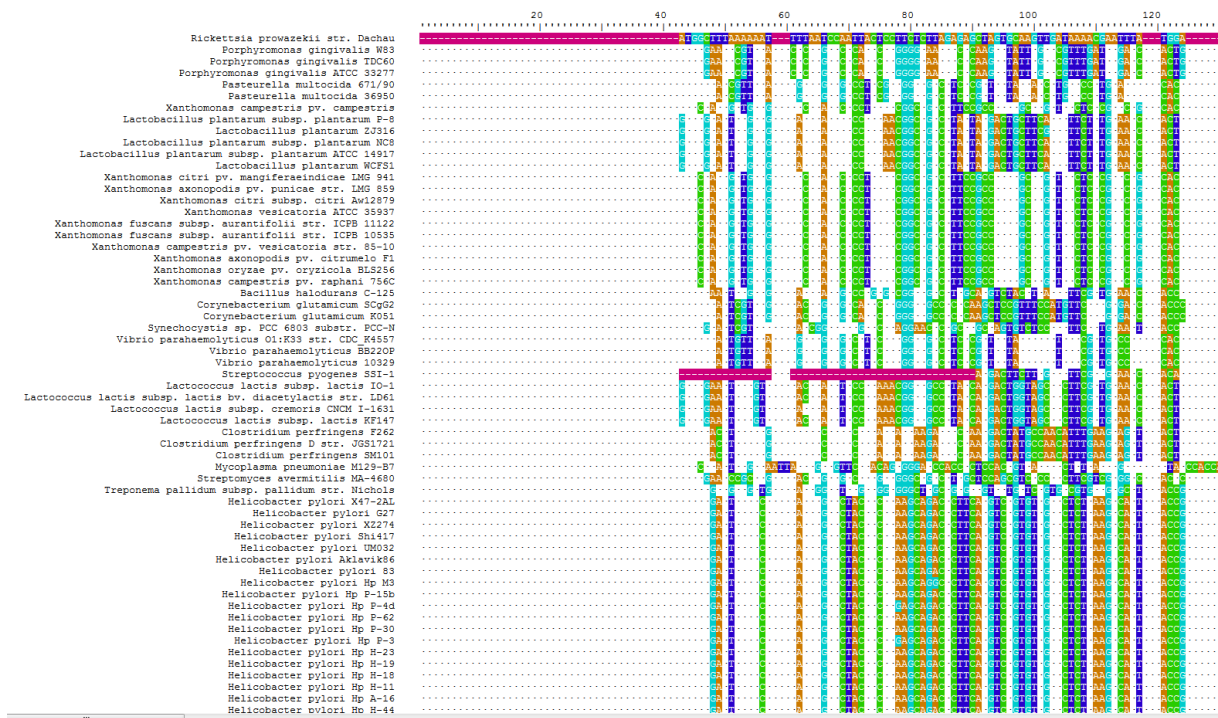
```
> s1 <- "GAATC"
> s2 <- "CATAAC"
> #definieren von zu alignierenden Paketen
> sigma <- nucleotideSubstitutionMatrix(match = 10, mismatch = -5, baseOnly = TRUE)
> #sigma ist eine Matrix für die Scores des alignments
> sigma["T","C"] <- 0
> sigma["C","T"] <- 0
> sigma["A","G"] <- 0
> sigma["G","A"] <- 0
> #in den Vorgaben der Vorlesung wurden manche mismatch-Werte anders bewertet, dementsprechend werden die Werte hier geändert
> sigma
      A   C   G   T
A 10  -5   0  -5
C  -5  10  -5   0
G   0  -5  10  -5
T  -5   0  -5  10
> #sigma anzeigen
> alignment <- pairwiseAlignment(s1, s2, substitutionMatrix = sigma, gapOpening = -4, gapExtension = -4, scoreOnly = FALSE)
> #jetzt wird ein alignment zwischen den beiden Sequenzen erzeugt
> alignment
Global PairwiseAlignmentsSingleSubject (1 of 1)
pattern: GA-ATC
subject: CATA-C
score: 9
```

## Aufgabe 8.2:

Alignierung als Proteinsequenzen (siehe R-Code):



Alignierung als DNS-Sequenzen (siehe R-Code):



Alignment als DNS-Sequenzen auf Basis der Proteinsequenzen (siehe R-Code):

