

Aufgabe 8.1:

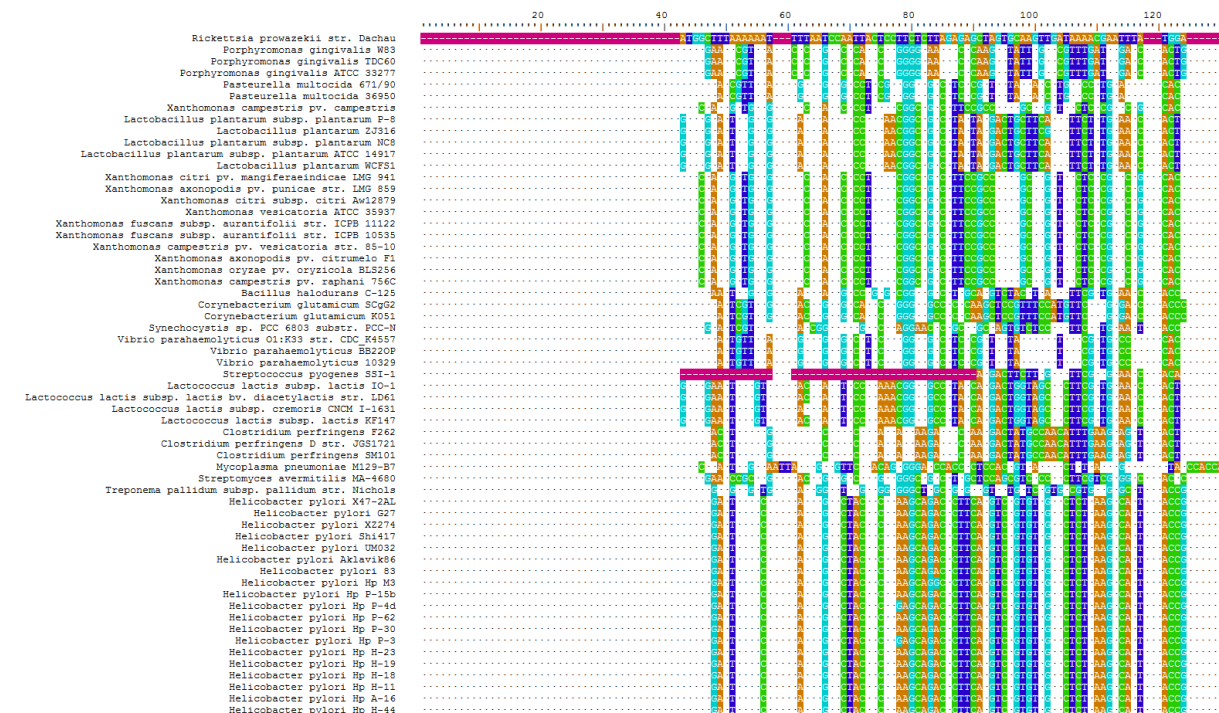
```
> library(Biostrings)
> #einschalten von Biostrings
> s1 <- "GAATTC"
> s2 <- "GATTA"
> #definieren von zu alignierenden Paketen
> sigma <- nucleotideSubstitutionMatrix(match = 10, mismatch = -5, baseOnly = TRUE)
> #sigma ist eine Matrix für die Scores des alignments
> sigma["T","C"] <- 0
> sigma["C","T"] <- 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 = -2, gapExtension = -8, scoreOnly =
FALSE)
> #jetzt wird ein alignment zwischen den beiden Sequenzen erzeugt
> alignment
Global PairwiseAlignmentsSingleSubject (1 of 1)
pattern: GAATTC
subject: GA-TTA
score: 25
> #Anzeigen des alignment mit Score
> |
```

Aufgabe 8.2:

Alignierung als Proteinsequenzen (siehe R-Code):



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



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

