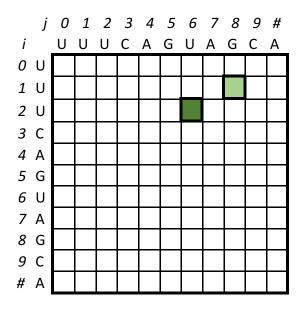
Beispiel zur Befüllung der Matrix

Sei die gegebene RNA-Sequenz UUUCAGUAGCA

Diese besteht aus 11 Basen, also mit Index von 0 bis 10. Wir erzeugen eine 11x11 Matrix. In dieser Matrix soll der Eintrag (i,j) die maximal Anzahl von Wasserstoffbrücken für die Teilsequenz von Base mit Index i bis zur Base mit Index j enthalten (für $0 \le i, j \le 10$)



i = Start position

j = Endposition

M(2,6) enthält Anzahl an WBB für Sequenz

UCAGU

M(1,8) enthält Anzahl an WBB für Sequenz

UUCAGUAG

1. Startposition liegt immer vor Endposition

Da i die Startposition angibt ist der untere Teil der Matrix mit den Werten 0 zu belegen. Hier würde die Endposition VOR der Startposition liegen.

	j	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	#
i		U	U	U	С	Α	G	U	Α	G	С	Α
0	U											
1	U	0										
2	U	0	0									
3	С	0	0	0								
4	Α	0	0	0	0							
5	G	0	0	0	0	0						
6	U	0	0	0	0	0	0					
7	Α	0	0	0	0	0	0	0				
8	G	0	0	0	0	0	0	0	0			
9	С	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
#	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

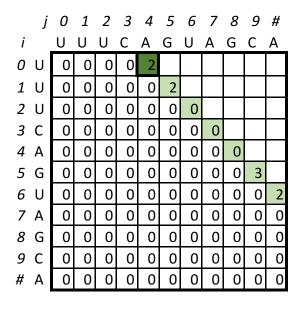
2. Primary Proximity Constraint

Da mindestens 3 Basen zwischen der beiden Basen, die eine Verbindung bilden, liegen sollen, können Einträge für Sequenzen mit Länge <= 4 mit dem Wert 0 befüllt werden.

	j	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	#
i		U	U	U	С	Α	G	U	Α	G	С	Α
0	U	0	0	0	0							
1	U	0	0	0	0	0						
2	U	0	0	0	0	0	0					
3	С	0	0	0	0	0	0	0				
4	Α	0	0	0	0	0	0	0	0			
5	G	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
6	U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
7	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	С	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
#	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

3. Diagonale Matrixbefüllung

Wir beginnen nun an Position (0,4). Das ist eine Sequenz der Länge 5. Es können sich also, wenn überhaupt, nur Anfangs- und Endbase paaren. Base 0 (= U) mit Base 4 (= A) können 2 Wasserstoffbrücken ausbilden. Somit bekommt das Feld M(0,4) den Wert 2. Auf diese Weise wird diagonal gefüllt.



Teilsequenz (0,4) : UUUCA (U,A) -> 2 Wasserstoffbrücken

$$M(1, 5) = 2 (U,G)$$

 $M(2, 6) = 0 (U,U)$
 $M(3, 7) = 0 (C,A)$

$$M(5, 9) = 3 (G,C)$$

 $M(6,10) = 2 (U,A)$

4. Fallunterscheidung bei Längeren Sequenzen

Als nächstes wird die Länge um 1 vergrößert. Wir beginnen bei Eintrag (0,5).

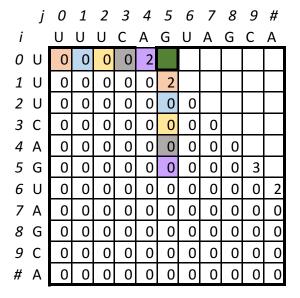
- 1. Fall: Base 0 bindet mit Base 5, U mit G, das ergibt 2 Wasserstoffbrücken.
- Hinzu kommt die maximale Anzahl für den inneren Teil der zu betrachtenden Sequenz (UUCA).

Dieses Maximum wurde bereits berechnet und befindet sich im Eintrag M(1,4) = 0.

	j	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	#
i		U	U	U	С	Α	G	U	Α	G	С	Α
0	U	0	0	0	0	2						
1	U	0	0	0	0	0	2					
2	U	0	0	0	0	0	0	0				
3	С	0	0	0	0	0	0	0	0			
4	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
5	G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	
6	U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
7	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	С	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
#	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

- **1.Fall:** Verbindung von erster mit letzter Base Sequenz M(0,5): U UUCA G
- (U,G) + (UUCA)2 + M(1,4)

Für den zweiten Fall teilen wir die Sequenz in alle möglichen Teilsequenzen und berechnen die Summe. Die maximale Anzahl der Wasserstoffbrücken für jede Teilsequenz kann aus der Matrix entnommen werden.



2.Fall: Summe der Teilsequenzen

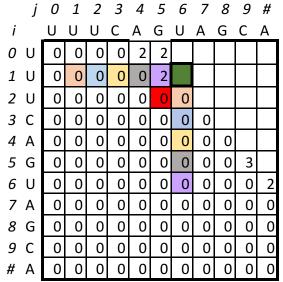
Sequenz M(0,5): UUUCAG

U + UUCAG	M(0,0) + M(1,5) 0+2 = 2
UU + UCAG	M(0,1) + M(2,5) 0+0 = 0
UUU + CAG	M(0,2) + M(3,5) 0+0 = 0
UUUC + AG	M(0,3) + M(4,5) 0+0 = 0
UUUCA + G	M(0,4) + M(5,5) 2+0 = 2

Das Maximum sind 2 Wasserstoffbrücken

Insgesamt ergibts sich sowohl aus dem 1. und 2. Fall ein maximaler Wert von 2 für M(0,5).

Als nächster Eintrag der Länge 6 kommt M(1,6) an die Reihe.



1. Fall: Erste mit Letzter Base

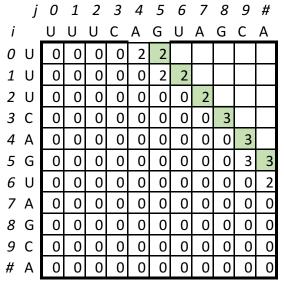
$$(U,U) + (UCAG) (U,U) + M(2,5) 0+0 = 0$$

2. Fall: Teilsequenzen

U + UCAGU	M(1,1) + M(2,6) 0+0 = 0
UU + CAGU	M(1,2) + M(3,6) 0+0 = 0
UUC + AGU	M(1,3) + M(4,6) 0+0 = 0
UUCA + GU	M(1,4) + M(5,6) 0+0 = 0
UUCAG + U	M(1,5) + M(6,6) 2+0 = 2

Also
$$M(1,6) = 2$$

Auf diese Weise berechnen wir Diagonal für Sequenzen der Länge 6:



Nun wird die Sequenzlänge immer um 1 vergrößert, bis die Matrix diagonal bis zum Rand gefüllt ist. Als letztes wird der Wert M(0,10) eingetragen.

	j	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	#
i		U	U	U	С	Α	G	U	Α	G	С	Α
0	U	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5	6
1	U	0	0	0	0	0	2	2	2	4	4	5
2	U	0	0	0	0	0	0	0	2	3	3	5
3	С	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3
4	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3
5	G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3
6	U	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
7	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	С	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
#	Α	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0