

Sprawozdanie

Sekwencjonowanie DNA w oparciu o chipy alternatywne, z błędami pozytywnymi

1) Opis problemu

Sekwencjonowanie DNA z użyciem chipów alternatywnych polega na wykorzystaniu sond, które zawierają niesprecyzowane nukleotydy. W tych sondach, nukleotydy na pozycjach parzystych są oznaczone jako X, co oznacza, że mogą reprezentować dowolny nukleotyd z zestawu {A, C, G, T}. Chipy składają się z dwóch typów sond o wzorach:

- $N_1 X N_2 X \dots X N_k$
- $N_1 X N_2 X \dots X N_{k-1} N_k$

Błędy pozytywne występują, gdy sonda wykazuje obecność określonego oligonukleotydu, mimo że w rzeczywistości nie jest on obecny w analizowanej próbce DNA. Takie błędy mogą prowadzić do nieprawidłowej interpretacji sekwencji, co utrudnia dokładne określenie sekwencji nukleotydów w próbce.

2) Sformalizowanie problemu

Dla problemu sekwencjonowania DNA z użyciem chipów alternatywnych, gdzie sondy zawierają niesprecyzowane nukleotydy oznaczone jako X (reprezentujące dowolny nukleotyd z {A, C, G, T}), należy zidentyfikować wszystkie możliwe sekwencje oligonukleotydów generowane przez sondy typu 1 i typu 2. Sondy typu 1 mają $k - 1$ symboli X, a sondy typu 2 mają $k - 2$ symboli X. Każda sonda może generować 4^n różnych sekwencji oligonukleotydów, gdzie n to liczba symboli X w sondzie.

3) Opis algorytmu dokładnego

4) Opis algorytmu wielomianowego

5) Analiza uzyskanych wyników