

Vienas iš būdų įvertinti dviejų biosekų išlyginimo statistinį reikšmingumą – panaudoti vadinamąją butstrapo (bootstrap) techniką. Tarkime turime dvi DNR sekas. Viena iš jų (seka A) tegul būna pakankamai ilga – 1000 - 2000 b.p. Antra (seka B) – 10-12 b.p. Tarkime, lokalaus išlyginimo algoritmas duoda išlyginimo kainą S . Mūsų domina, ar šis skaičius ir pats išlyginimas nėra „atsitiktinis“. Tam tikslui mes norime perrinkti visas įmanomas sekas, kurias galima gauti iš sekos B naudojant jos keitinius, ir suskaičiuoti jų išlyginimo kainas su seka A bei rasti išlyginimo intervalą joje. Po to galima įvertinti išlyginimo artumą pagal išlyginimo intervalo galus ir kainą. Parašykite (java) programą, kuri tai realizuoja. Seką A parinkite realią – iš tam tikro bakterijos genomo.