

Einlesen der Sequenzen im FASTA-Format

Alignieren der Sequenzen zur Referenz. Dabei werde inititale seeds mithilfe einer Indexsuche gefunden und anschließend durch Sparse Chaining zu einem globalen Alignment gekettet.

Generieren von *d-Events* aus den Unterschieden zur Referenzsguenz

```
e_{11} = (1, SNP, [0111], 'T', 1)
                                         e_{12} = (12, DEL, [0100], \dots, 4)
                                         e_{22} = (12, SV, [0010], 'CG', 4)
                                         e_{32} = (12, INS, [0001], 'CC', 0)
          Dependant region 1
                                                      Dependant region 2
e<sub>11</sub>(1,SNP,[0111],'T',1)
                                         e_{12} = (12, DEL, [0100], '', 4)
       11
                                         e_{22} = (12, SV, [0010], 'CG', 4)
                                         e_{32} = (12, INS, [0001], 'CC', 0)
          Dependant region 1
                                                      Dependant region 2
                                         e'_{12} = (12, DEL, [1000], '', 2)
e'_{11} = (1, SNP, [1000], 'A', 1)
                                        e'<sub>22</sub> = (12, DEL, [0100], '', 6)
e'<sub>32</sub> = (12, SV , [0010], 'CG', 6)
```

0123456789012345
ref ATAACCCCGGGGCCTTTT
Seq0 AAAACCCCGGGG--TTTT

ref ATAACCCCGGGGCCTTTT
Seg1 ATAACCCCGGGG-----

ref ATAACCCCGGGGCCTTTT
Seg2 ATAACCCCGGGGCG----

ATAACCCCGGGGCCTTTT

Seg3 ATAACCCCGGGGCCTTTT

ref

SNP, DEL

DEL

Zusammenführen derselben Δ-Events durch aktualisieren der *coverage*.

Einteilen der Δ-Events in abhängige Regionen (dependent regions)

Manipulation der Referenz.
(Hier: Einbau von Event **€11**und Event **€32**).
Aktualisierung abhängiger
Δ-Events.