

L1 - Needleman-Wunschov algoritam

pg

March 18, 2021

- biološki nizovi, proteini
- usporedba = poravnanje (alignment)
- nw-algoritam = alg. za optimalno poravnanje dva niza

- proteini = konačne riječi u alfabetu amino kiselina
- evolucija → srodni proteini
- usporedba proteina (=align)

- poravnati nizove = “ubaciti” crtice u nizove t.d.:
- nizovi budu jednake duljine
- nigdje nije crtica ispod crtice

- optimalno poravnanje \rightarrow score
- HPEW
 - PAW
- kako računamo score? (hint: po stupcima)

- optimalno poravnanje \rightarrow ono s najvećim scoreom
- kako odrediti opt. por.?
- opservacija: potporavnanja optimalnog poravnanja su optimalna za podnizove

- znači, poravnanje podnizova x_1, \dots, x_i i y_1, \dots, y_j je najbolji “nastavak” kraćih poravnanja
- kraća poravnanja:
 - x_1, \dots, x_i i y_1, \dots, y_{j-1} ||
 - x_1, \dots, x_{i-1} i y_1, \dots, y_j ||
 - x_1, \dots, x_{i-1} i y_1, \dots, y_{j-1}

- tako dobijemo rekurziju za $F(i, j)$:

$$F(i, j) = \max \begin{cases} F(i-1, j) - 8 \\ F(i, j-1) - 8 \\ F(i-1, j-1) + s(x_i, y_j) \end{cases}$$