

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Add-ins

```

1 library(biostrings) #Laden der Biostrings Library
2
3 s1 <- "GAATC" #Sequenz 1 festlegen
4 s2 <- "CATAC" #Sequenz 2 festlegen
5
6 sigma <- nucleotideSubstitutionMatrix(match = 2, mismatch = -1, baseonly = TRUE) #sigma wird definiert als Nukleotid-Substitutions-Matrix
7 sigma #sigma ausgeben
8
9 alignment <- pairwiseAlignment(s1, s2, substitutionMatrix = sigma, gapopening = -2, gapExtension = -8, scoreonly = FALSE) #alignment wird
10
11 alignment #alignment wird ausgegeben
12

```

Environment History Connections

Global Environment

Data

alignment	Formal class PairwiseAlignmentSingleSubject
sigma	num [1:4, 1:4] 2 -1 -1 -1 2 -1 -1 -1 -1 ...
Values	
s1	"GAATC"
s2	"CATAC"

Files Plots Packages Help Viewer

Console

```

> library(biostrings) #Laden der Biostrings Library
>
> s1 <- "GAATC" #Sequenz 1 festlegen
> s2 <- "CATAC" #Sequenz 2 festlegen
>
> sigma <- nucleotideSubstitutionMatrix(match = 2, mismatch = -1, baseonly = TRUE) #sigma wird definiert als Nukleotid-Substitutions-Matrix,
pro Match wird "2" angegeben, pro Mismatch "-1"
> sigma #sigma ausgeben
  A C G T
A 2 -1 -1 -1
C -1 2 -1 -1
G -1 -1 2 -1
T -1 -1 -1 2
>
> alignment <- pairwiseAlignment(s1, s2, substitutionMatrix = sigma, gapopening = -2, gapExtension = -8, scoreonly = FALSE) #alignment wird d
efiniert als paarweises Alignment, verglichen werden sollen s1 und s2 und als Matrix wird "sigma" verwendet
>
> alignment #alignment wird ausgegeben
Global PairwiseAlignmentSingleSubject (1 of 1)
pattern: GAATC
subject: CATAC
score: 1
>

```

Aufgabe 8.1



Aufgabe 8.2