

Lehrstuhl Bioinformatik • Konstantin Pelz

Dotplot - Erweiterung

Tutorium Bioinformatik
(WS 18/19)

Konstantin: Konstantin.pelz@campus.lmu.de

Homepage: <https://bioinformatik-muenchen.com/studium/propaedeutikum-programmierung-in-der-bioinformatik/>





**Welche Möglichkeiten fallen euch ein
um euren Dotplot zu erweitern?**



**„Distanz“ zwischen den zwei Sequenzen
= Anzahl der unterschiedlichen Stellen**

Tipps:

- Wie viele Zeichen sind gleich, wie viele nicht?**
- Wie viele Zeichen gibt es in der kompletten Sequenz?**
- Was mache ich wenn die Sequenzen nicht gleich lang sind?**



Input von 3 oder mehr Sequenzen

Wie viele Sequenzen: __

Sequenz 1: __

Sequenz 2: __

Sequenz 3: __

Sequenz n: __

Tipps:

- ➔ Alle Arbeitsschritte in eigene Methoden packen
- ➔ Loops!
- ➔ In Main Methode nur alles koordinieren



Was ist das beste Alignment?

- Smith-Waterman (Lokale Alignments)
- Needleman-Wunsch (Globale Alignments)
- Levenshtein distance (Anzahl Operationen $Seq1=Seq2$)

Tipps:

- Ideen: Vorlesungsfolien
- „Lösung“: <https://stackoverflow.com/questions/15042879/java-characters-alignment-algorithm>
- Wie stelle ich das Ergebnis schön dar?