

Optymalne ułożenie dwóch funkcji

25 maja 2011

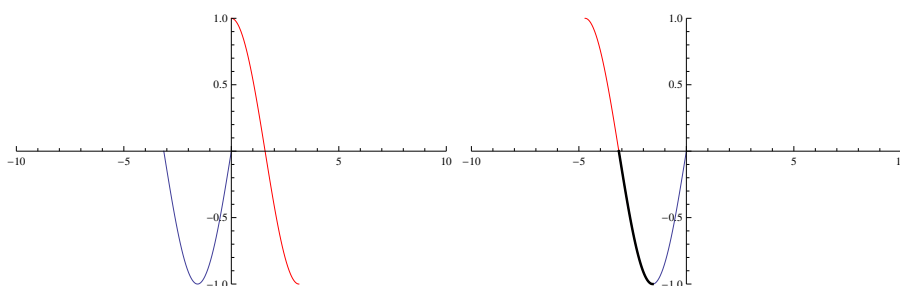
W bioinformatyce i innych działach informatyki stosuje się w różnych celach **dopasowanie sekwencji** symboli, czyli ich optymalne ułożenie uwzględniające błędy, m.in. usunięcie fragmentu (tzw. delecja). Celem problemu jest znalezienie optymalnego dopasowania (ułożenia, ang. *alignment*) dwóch funkcji rzeczywistych określonych symbolicznie lub numerycznie na dwóch (także różnych) przedziałach.

Jedną z potencjalnych metod rozwiązania, jest dyskretyzacja funkcji (zamiana na skończony zbiór liczb), a następnie przypisanie wartościom odpowiednich „symboli”, np. dla $0.01 < x < 0.01 \rightarrow \text{ZERO}$ itd. Dalej można użyć wbudowanych poleceń Mathematici jak **SequenceAlignment**.

Literatura

[1] Joseph B. Kruskal, *An Overview of Sequence Comparison: Time Warps, String Edits, and Macromolecules*, SIAM Review, Vol. 25, No. 2 (Apr., 1983), pp. 201-237 [PDF]

[2] <http://ribes.if.uj.edu.pl/bioinfo/>



Rysunek 1: Przykładowe dopasowanie dwóch funkcji. Po lewej funkcje których ułożenie chcemy znaleźć, po prawej (hipotetyczne) optymalne dopasowanie. Część **pasująca** została pogrubiona.