

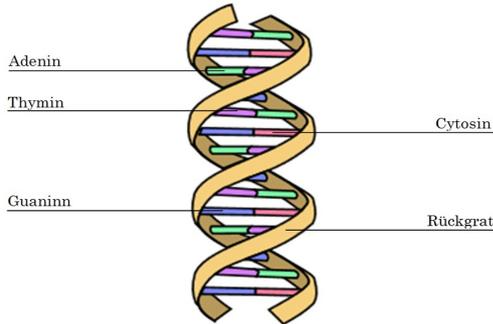


Michael Eugster

Diplomand	Michael Eugster
Examinator	Prof. Dr. Guido Schuster
Experte	..
Themengebiet	Sensor, Actuator and Communication Systems

Managing dependencies from the past and the future using multidimensional dynamic programming

Theoretical derivation and experimental validation of a Next Generation DNA Sequencing Method

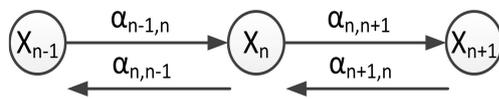


Darstellung eines DNS-Stranges, Quelle: wikipedia

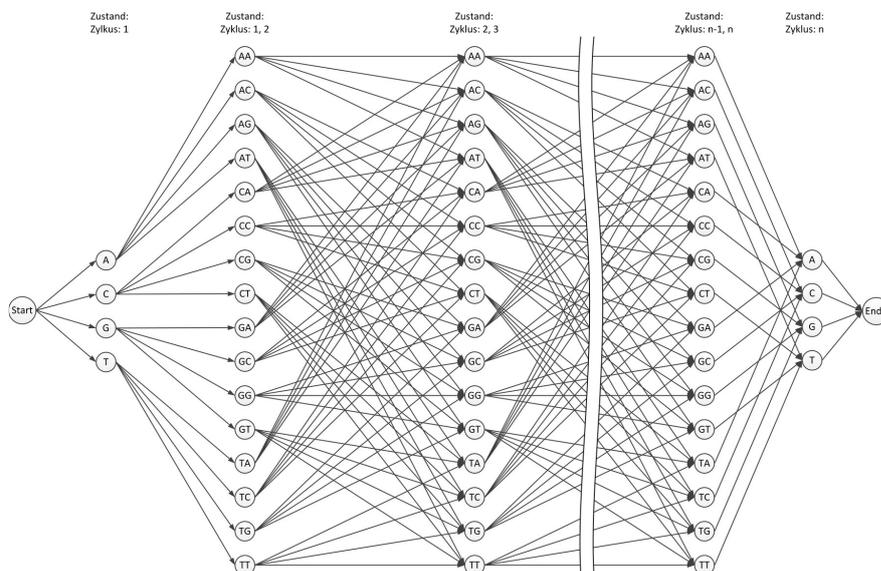
Ausgangslage: Im «All your Base»-Paper von Massingham und Goldman wird eine DNS-Sequenz durch eine Abfolge von vier verschiedenen Basen mit multidimensionalen Abhängigkeiten beschrieben. Es wird davon ausgegangen, dass die Base zum Zeitpunkt N von ihren benachbarten Basen (N-1 und N+1) beeinflusst wird. Im dynamischen Teil des «All your Base» Algorithmus beziehen Massingham und Goldman jedoch nur die Vergangenheit (N-1) mit ein, was gemäss ihrer eignen Theorie unvollständig ist.

Ziel der Arbeit: In dieser Projektarbeit wird die Suche nach der «wahrscheinlichsten» Sequenz mit Hilfe der Maximum-Likelihood-Methode und dem Viterbi-Ansatz hergeleitet und detailliert analysiert.

Fazit: Durch die Entwicklung einer Testumgebungen und einer Schritt-für-Schritt Berechnung konnte nachgewiesen werden, dass die Formeln im «All your Base» Algorithmus, aufgrund von Symmetrien, korrekt sind. Diese Symmetrien beziehen sich auf die Abhängigkeiten von der Vergangenheit zur Gegenwart und Zukunft und umgekehrt. Wobei diese Annahmen zu den Abhängigkeiten nicht auf biologische Aspekte gestützt werden kann. Des Weiteren wurden flexiblere Modelle für die Sequenzierung einer DNS-Sequenz entwickelt.



Vor- und Rückwärtsbeziehungen zwischen den Zuständen



Hidden Markov Model mit 16 Zuständen