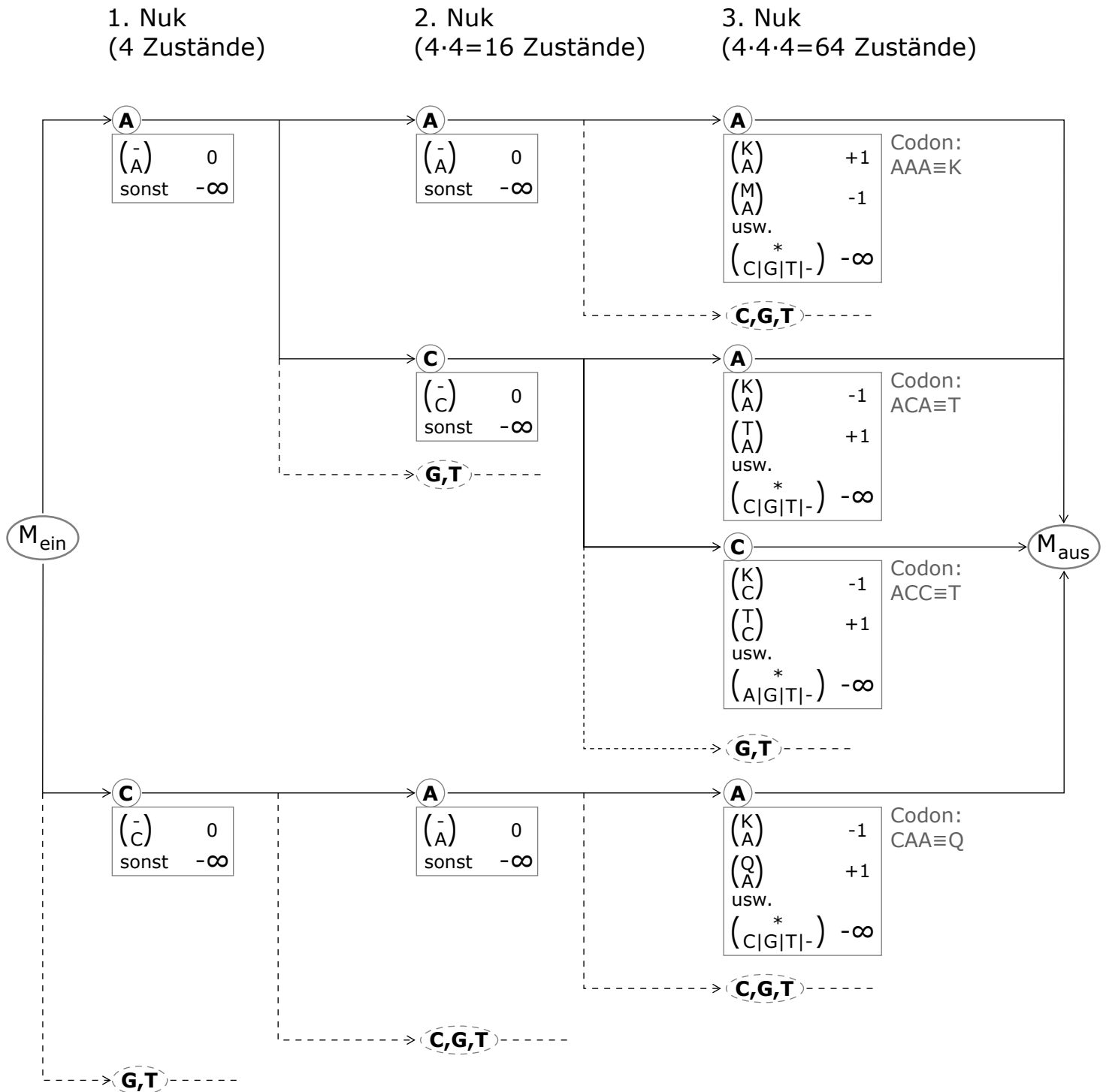


Paar-HMM nur für Translation

Unten steht ein Paar-HMM, das noch nicht an C-Insertionen angepasst ist. Das heißt, das HMM benutzt den genetischen Code, um eine vermutet codierende Nukleotidsequenz mit einer Aminosäuresequenz zu vergleichen. Aber dieses Paar-HMM kann keine C-Insertionen berücksichtigen.

Scores sind einfach +1, falls sich die Aminosäuren gleichen, und -1, falls die Aminosäuren anders sind. Natürlich könnten wir diese Scores mit einer Funktion $\sigma(x, y)$ für die zwei Aminosäuren x und y ersetzen.

Hinweis: (Bundschuh, 2004) benutzt eigentlich Profil-HMMs. Deswegen weicht das hier abgebildete HMM vom HMM im Paper ab. Aber die Ideen im Paper sind ähnlich.



Paar-HMM für Translation und C-Insertionen

Das Paar-HMM auf der vorherigen Seite, nachdem es an C-Insertionen angepasst wurde. Eine C-Insertion entspricht einem Strafterm von $-i_c$.

