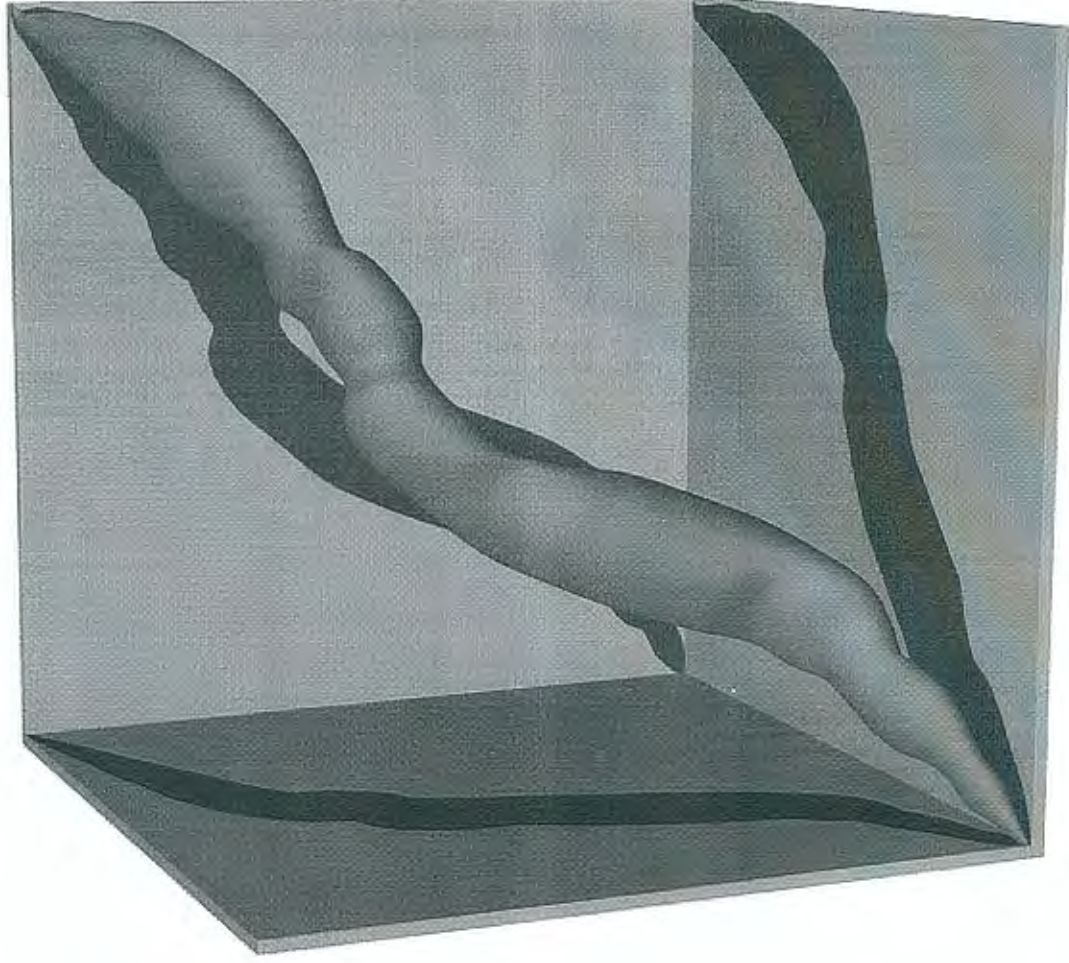


# Einschränkung des Suchraums



- in der DP-Matrix wird nur ein „Schlauch“ berechnet
- die übrigen Einträge sind mit Sicherheit nicht Teil eines optimalen Al.
- Projektion des multiplen Al. auf paarweise Al.

$$u = CT$$

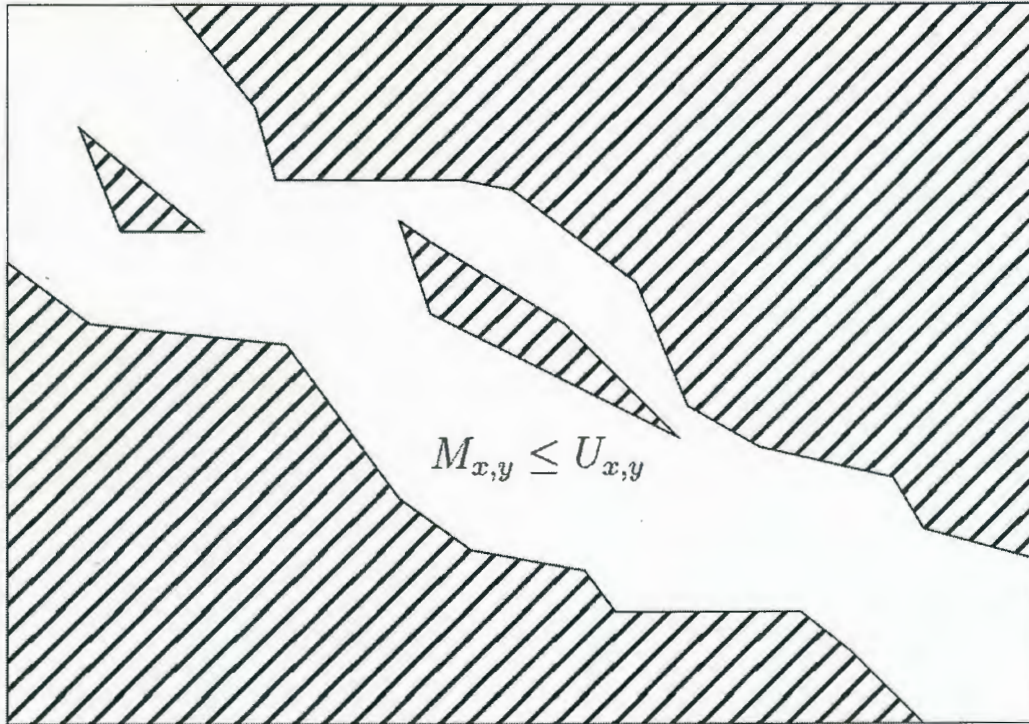
$$v = AGT$$

D	E	A	G	T	D <sup>rev</sup>	A	G	T	E
E	0	1	2	3	C	2	1	1	2
C	1	1	2	3	T	2	1	0	1
T	2	2	2	2	E	3	2	1	0

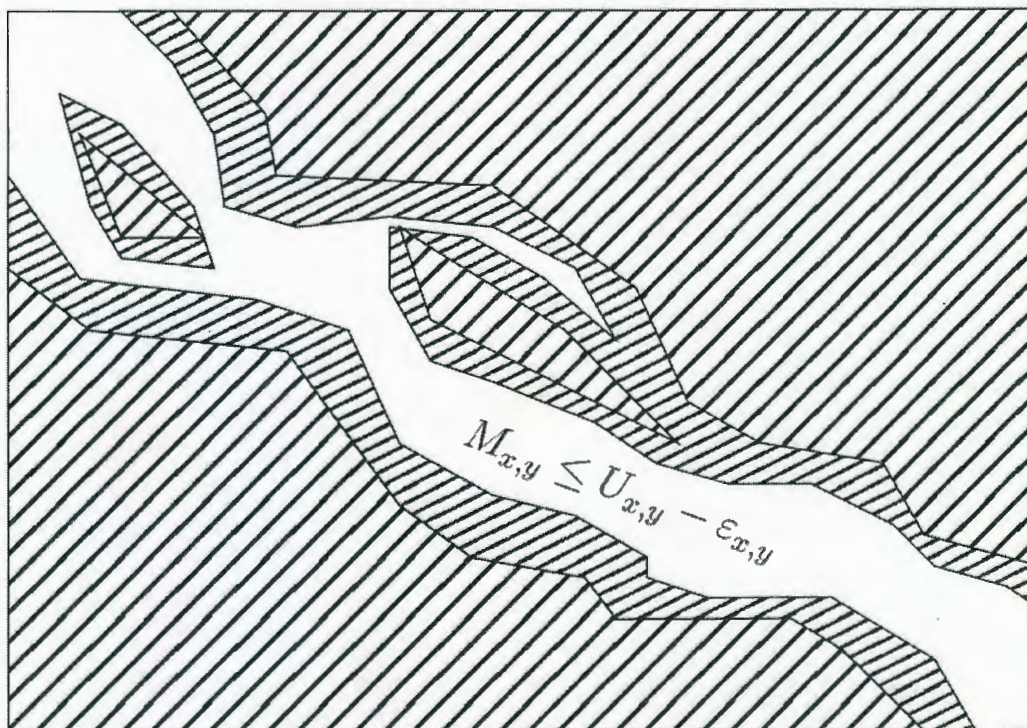
Einheitskosten

M	A	G	T	
C	2	2	3	5
T	3	2	2	4
	5	4	3	2

# Carrillo-Lipman Schranken



für jedes Dimensions-  
paar  $(x, y)$



Heuristik: Suchraum zusätzlich  
einschränken  $\rightarrow$  effektiv, keine Garantie

# Carrillo-Lipman (MSA) vs. A\*



Test set	K	Length	avg.id.	Z <sub>max</sub>	oma at Z <sub>max</sub>	oma at Z <sub>max</sub> /2	MSA	DCA					
1ubi	4	76-94	18	128	8631	(37.9 s, 21 MB)	8631	8639	(6.0 s, 2 MB)	8639	(0.6 s, 3 MB)	8685	(0.4 s, 3 MB)
1wit	5	89-106	17	128	16517	(2.0 min, 36 MB)	16523	16533	(4.0 s, 2 MB)	16533	(2.1 s, 3 MB)	16610	(0.4 s, 3 MB)
3cyr	4	95-109	31	128	9888	(4.3 s, 2 MB)	9888	9888	(4.6 s, 2 MB)	9888	(0.4 s, 3 MB)	9888	(0.3 s, 3 MB)
1pfc	5	108-117	28	128	17708	(20.0 s, 2 MB)	17708	17710	(5.7 s, 2 MB)	17710	(1.0 s, 3 MB)	17771	(0.4 s, 3 MB)
1fmb	4	98-104	49	128	8804	(3.3 s, 2 MB)	8804	8804	(3.0 s, 2 MB)	8804	(0.2 s, 2 MB)	8804	(0.5 s, 2 MB)
1fkj	5	98-110	44	128	15809	(4.3 s, 2 MB)	15815	15815	(3.6 s, 2 MB)	15815	(0.3 s, 3 MB)	15815	(0.6 s, 2 MB)
3grs	4	201-237	14	128	23478	(22.0 s, 2 MB)	23491	23489	(9.9 s, 2 MB)	23489	(2.2 min, 14 MB)	23590	(0.8 s, 2 MB)
1sbp	5	224-263	19	128	43115	(62.9 min, 668 MB)	43188	-	(2.1 min, 70 MB)	-	(> 12 h)	43581	(1.1 s, 2 MB)
1ad2	4	203-213	30	256	19714	(14.7 s, 2 MB)	19714	19726	(9.6 s, 2 MB)	19726	(0.6 s, 3 MB)	19716	(0.5 s, 3 MB)
2cba	5	237-259	26	128	40281	(15.4 min, 183 MB)	40295	40281	(17.9 s, 2 MB)	40281	(63.0 min, 69 MB)	40496	(0.9 s, 3 MB)
1zin	4	206-216	42	256	19110	(8.0 s, 2 MB)	19110	19110	(6.8 s, 2 MB)	19110	(0.5 s, 2 MB)	19110	(0.7 s, 2 MB)
1amk	5	242-254	49	128	36659	(11.0 s, 2 MB)	36659	36659	(10.8 s, 2 MB)	36659	(0.9 s, 2 MB)	36659	(0.9 s, 2 MB)
2myr	4	340-474	16	128	43541	(2.1 min, 53 MB)	43629	-	(21.8 s, 2 MB)	-	(> 12 h)	43834	(1.6 s, 2 MB)
1pamA	5	435-572	18	64	86357	(7.6 min, 62 MB)	86482	-	(27.2 s, 2 MB)	-	(> 2 GB)	86923	(2.7 s, 2 MB)
1ac5	4	421-483	29	128	43341	(34.5 s, 16 MB)	43380	43325	(18.3 s, 2 MB)	43325	(22.2 min, 32 MB)	43513	(1.5 s, 2 MB)
2ack	5	452-482	28	128	77139	(24.9 min, 234 MB)	77161	-	(67.5 s, 31 MB)	-	(> 12 h)	77422	(2.2 s, 2 MB)
1ad3	4	424-447	47	256	39218	(15.8 s, 2 MB)	39218	39209	(13.2 s, 2 MB)	39209	(1.7 s, 2 MB)	39225	(1.0 s, 2 MB)
1rthA	5	526-541	42	256	80352	(36.3 s, 15 MB)	80352	80358	(26.8 s, 2 MB)	80358	(4.7 s, 2 MB)	80449	(2.1 s, 2 MB)

- Evaluation auf der BALiBASE
- "oma" ist der A\*-Algorithmus
- Reinert, Stoye, Will, Bioinformatics (2000)

Rechner mit  
0,4 GHz