

O złożoności zagadnień sekwencjonowania łańcuchów DNA

Jacek BŁAŻEWICZ, Marta KASPRZAK

Politechnika Poznańska, Instytut Informatyki
ul. Piotrowo 3a, 60-965 Poznań

i

Polska Akademia Nauk, Instytut Chemii Bioorganicznej
ul. Noskowskiego 12/14, 61-704 Poznań

e-mail: blazewic@put.poznan.pl

marta@cs.put.poznan.pl

Otrzymano 27 stycznia 2003 roku

Streszczenie. W artykule przedstawiono złożoność obliczeniową różnych wariantów problemu sekwencjonowania łańcuchów DNA. Rozpatrzono dwa podejścia do eksperymentu hybrydyzacji: z wykorzystaniem klasycznej biblioteki oligonukleotydów oraz z wykorzystaniem biblioteki izotermicznej. Dla każdego z tych podejść zbadano przypadki szczególne zależne od rodzaju błędów eksperymentalnych w instancji: wariant z błędami negatywnymi, z błędami pozytywnymi oraz przy założeniu braku błędów w zbiorze oligonukleotydów.

Słowa kluczowe: sekwencjonowanie łańcuchów DNA, złożoność obliczeniowa