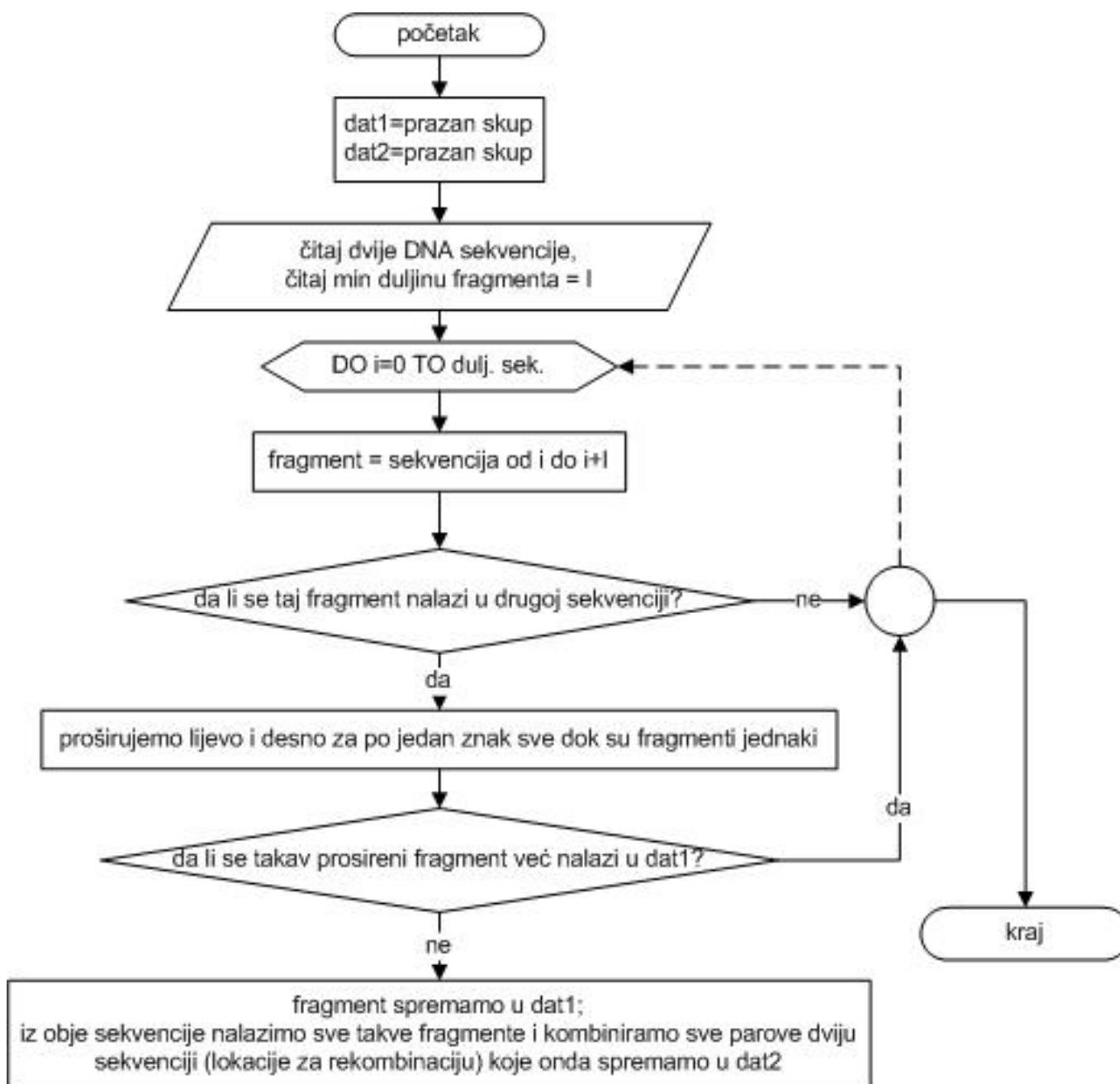


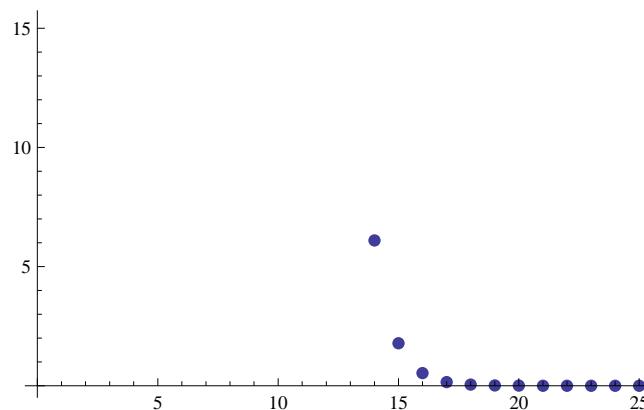
PRONALAŽENJE LOKACIJA POTPUNE IDENTIČNOSTI U DVIJE DNA SEKVENCije

Ana Vukelić

**Faculty of Food Technology and Biotechnology,
University of Zagreb**

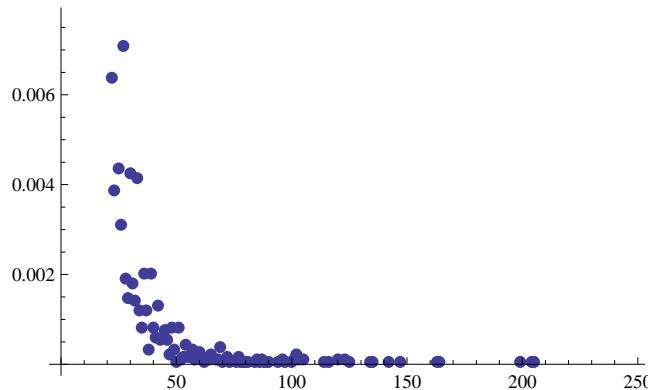


Distribucija fragmenata određene duljine za nasumične (RANDOM) sekvencije (72% G+C). Rađeno s 6 klastera. Na x-osi je duljina fragmenta, a na y-osi postotak.



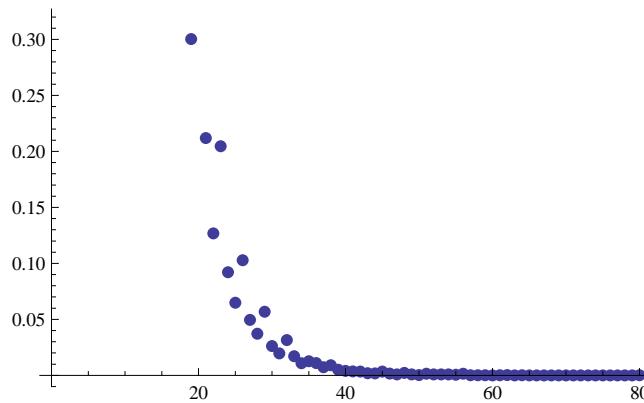
Minimalna duljina za koju imamo parove je 12 a maksimalna 25. Najmanja duljina za koju je relativna frekvencija manja od 0.1 je 14.

Distribucija fragmenata određene duljine za NON-PKS sekvencije. Rađeno s 6 klastera. Na x-osi je duljina fragmenta, a na y-osi postotak.



Minimalna duljina za koju imamo parove je 12 a maksimalna 383. Najmanja duljina za koju je relativna frekvencija manja od 0.1 je 14.

Distribucija fragmenata određene duljine za PKS sekvencije. Rađeno s 11 klastera. Na x-osi je duljina fragmenta, a na y-osi postotak.



Minimalna duljina za koju imamo parove je 11 a maksimalna 80. Najmanja duljina za koju je relativna frekvencija manja od 0.1 je 13.

χ^2 -test o homogenosti distribucija:

RANDOM i NON-PKS (testiranje u MS Excel-u): dobijemo da je p-vrijednost jednaka 0 \Rightarrow razlika u distribucijama je značajna;

RANDOM i PKS (testiranje u MS Excel-u): dobijemo da je p-vrijednost jednaka 0 \Rightarrow razlika u distribucijama je značajna;

NON-PKS i PKS (testiranje u MS Excel-u): dobijemo da je p-vrijednost jednaka 0 \Rightarrow razlika u distribucijama je značajna.