

Wstęp do bioinformatyki

ZADANIE 4: Dopasowanie lokalne par sekwencji

Odnośnik do repozytorium:

<https://github.com/236807/WBI>

1) Cel ćwiczenia

Dopasowanie wielu sekwencji DNA, RNA lub białek oraz wykonanie za jego pomocą przykładowej analizy.

2) Złożoność czasowa

Dla każdego z elementów wykonywana jest obliczanie wielokrotnych dopasowań sekwencji.

$$S := \begin{cases} S_1 = (S_{11}, S_{12}, \dots, S_{1n_1}) \\ S_2 = (S_{21}, S_{22}, \dots, S_{2n_2}) \\ \vdots \\ S_m = (S_{m1}, S_{m2}, \dots, S_{mn_m}) \end{cases}$$

Podana metoda jest rzędu $\Theta(n^m)$.

Więc złożoność czasowa mojego algorytmu jest rzędu $\Theta(n^m)$.

3) Złożoność pamięciowa

Macierz którą implementuje z n sekwencji które są rozmiaru m ,więc złożoność pamięciowa jest rzędu $\Theta(n^m)$.