

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 $\Theta(n*m)$, by znaleźć punktacje sekwencji o długości n oraz znaleźć sekwencje będącą w 'centrum' gwiazdy określimy jako $\Theta(n^2*m^2)$.

3) Złożoność pamięciowa

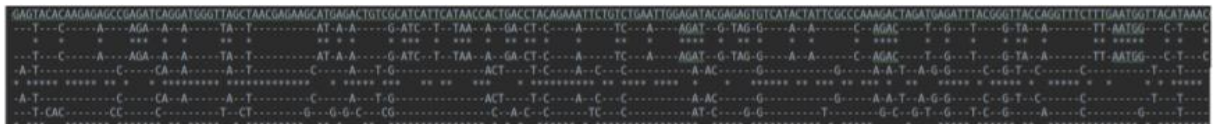
Macierz którą implementuje z n sekwencji które są rozmiaru m , więc złożoność pamięciowa jest rzędu $\Theta(n^m)$.

4) Porównanie sekwencji

O podobieństwie świadczy duża ilość „*” w skali długości całej sekwencji.

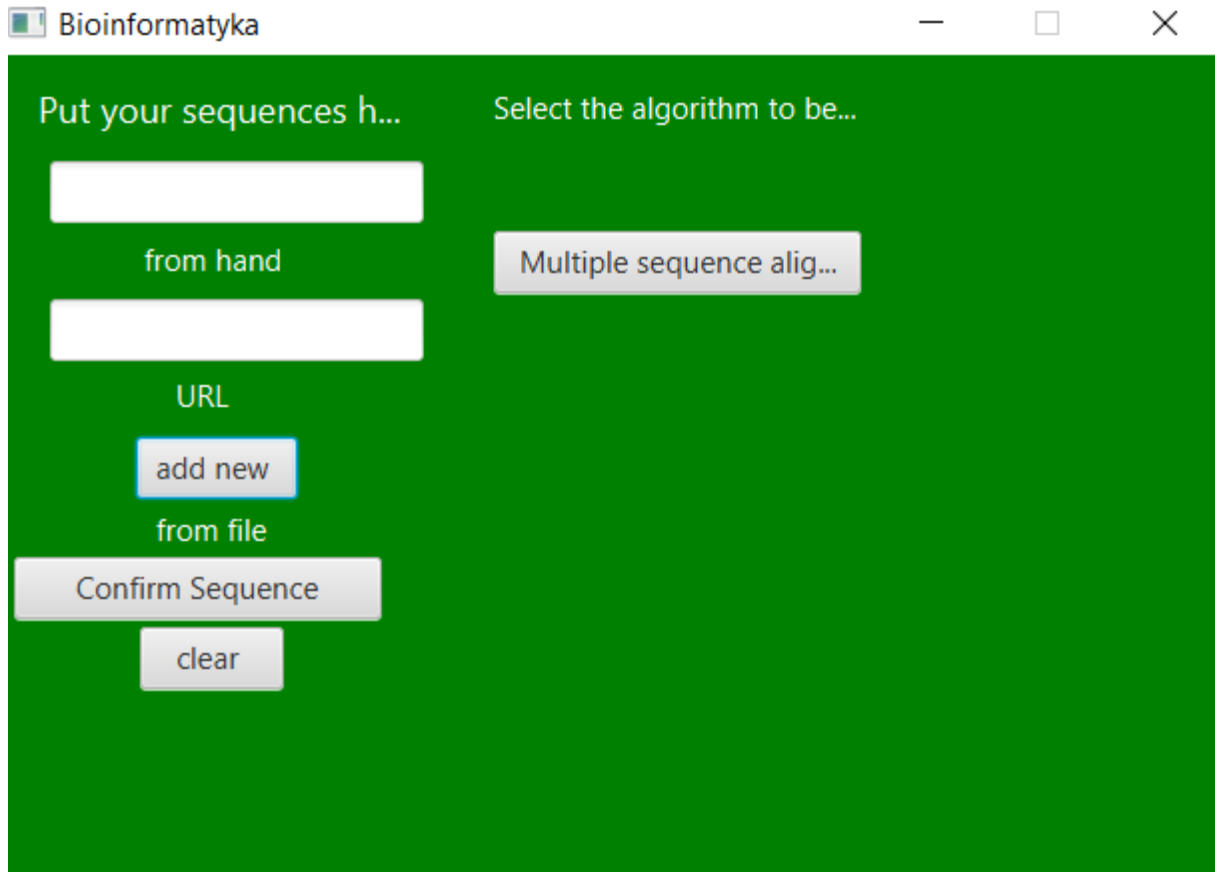
Porównałem 4 gatunki węzów:

- kobra królewska
- pyton królewski
- żmija zygzakowata
- czarna mamba



5) Zasada działania programu

Po uruchomieniu widzimy graficzny interfejs użytkownika, aby dodać sekwencje należy wpisać ją w odpowiednim polu, lub link do niej (wersja z URL) I potwierdzić przyciskiem, lub aby dodać z pliku kliknąć odpowiedni przycisk i wyznaczyć ścieżkę do naszej sekwencji. Po dodaniu odpowiedniej ilości sekwencji klikamy **Multiple sequence alignment**, który generuje nam plik z porównanymi sekwencjami.



The screenshot shows a web application window titled "Bioinformatyka". The interface is divided into two main sections: "Put your sequences h..." and "Select the algorithm to be...".

Under "Put your sequences h...", there are two input fields. The first field has a "from hand" button below it. The second field has a "URL" label below it, followed by an "add new" button and a "from file" label. At the bottom of this section are "Confirm Sequence" and "clear" buttons.

Under "Select the algorithm to be...", there is a "Multiple sequence alig..." button.