

Wstęp do bioinformatyki
ZADANIE 3: Dopasowanie lokalne par sekwencji
Odnosnik do repozytorium:
<https://github.com/236807/WBI>

1) Cel ćwiczenia

Celem ćwiczenia było napisanie programu znajdującego optymalne dopasowanie lokalne pary sekwencji DNA, RNA lub białek, oraz wykonanie z jego pomocą przykładowej analizy.

2) Złożoność czasowa

Dla każdego z elementów wyznaczana jest wartość maksymalna z trzech elementów. W mojej implementacji wymaga to 4 porównań dla $(i-1)(j-1)$ elementów.

$$D_{i,j} = \max(D_{i-1,j-1} + s(a_i, b_j), D_{i-1,j} + s(a_i, -), D_{i,j-1} + s(-, b_j), 0)$$

Podana metoda jest rzędu $\Theta(nm)$.

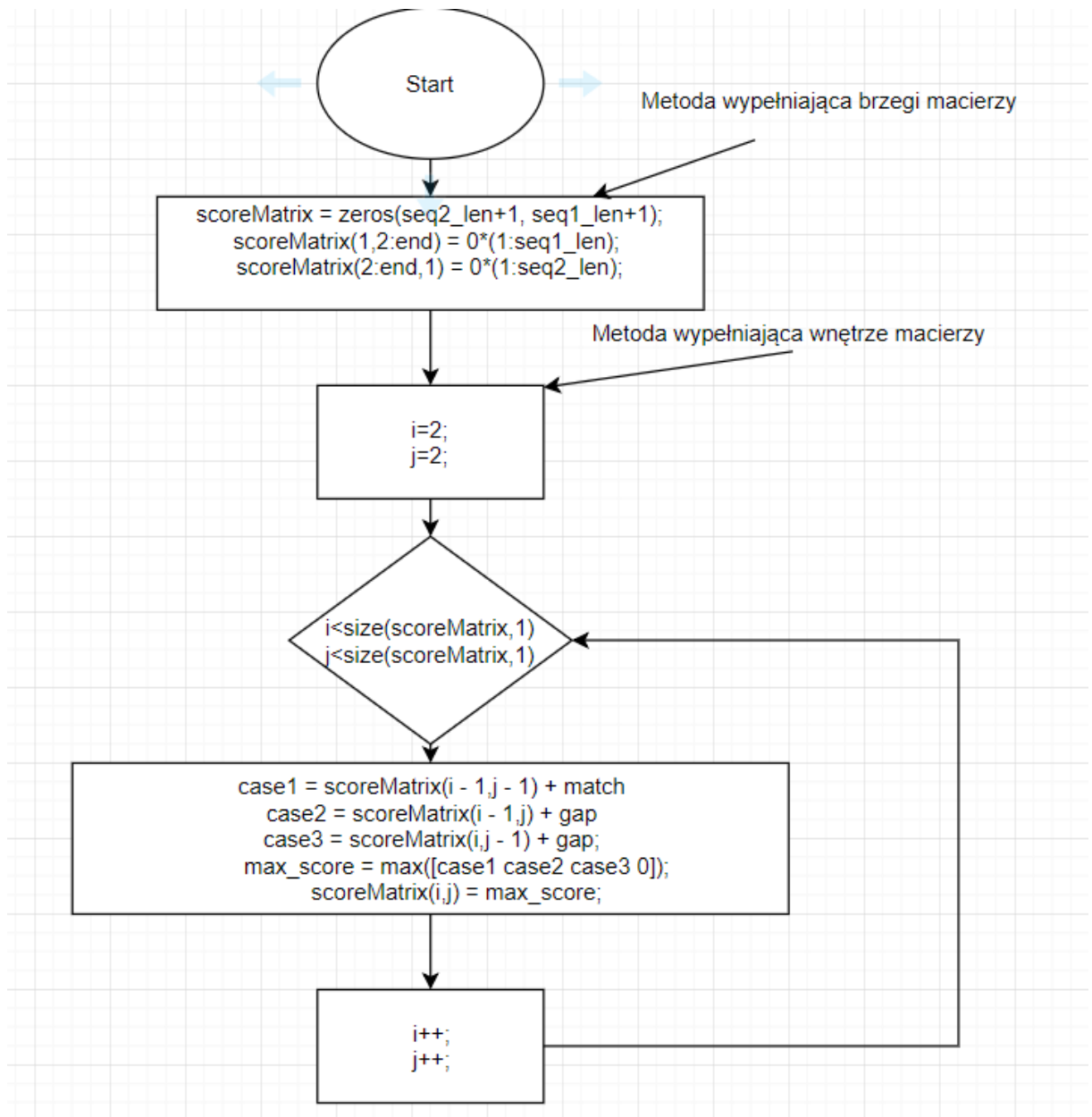
Więc złożoność czasowa mojego algorytmu jest rzędu $\Theta(nm)$.

3) Złożoność pamięciowa

Macierz którą implementuje z 2 sekwencji które są rozmiaru n i m ma rozmiar ich iloczynu a więc złożoność pamięciowa jest rzędu $\Theta(nm)$.

4) Schemat blokowy algorytmu

Algorytm Smitha Watermana



Trace Back

