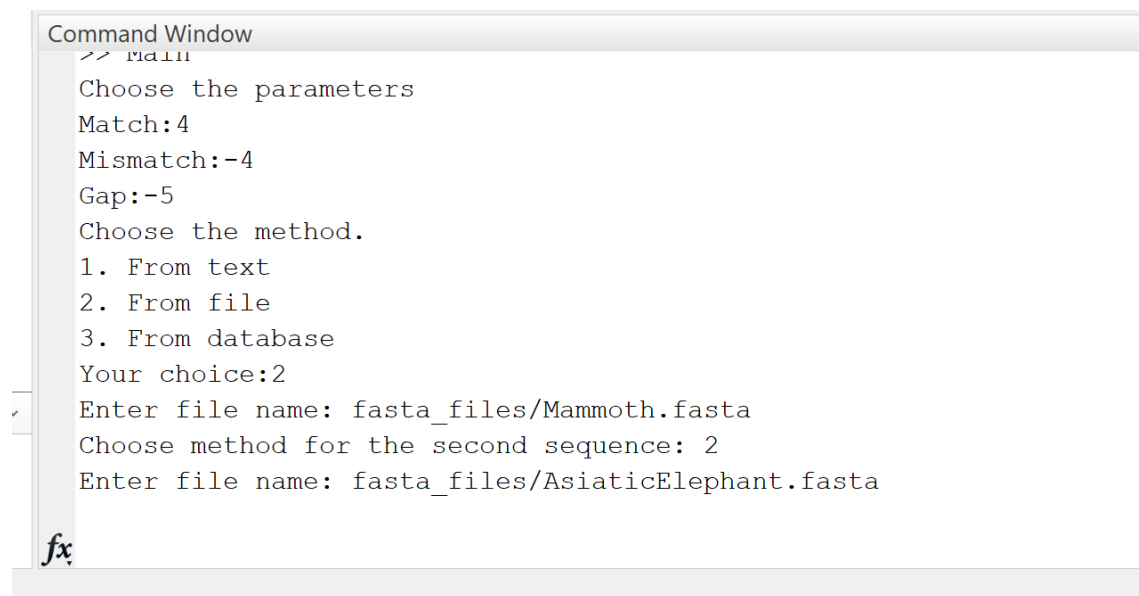


Zadanie 2

Wojciech Miśta, 236453

Niestety z uwagi na fakt, że zastosowany algorytm pochłania bardzo dużo zasobów, a Matlab nie jest najszybszym środowiskiem programistycznym oraz mam niewiele czasu na oddanie sprawozdania, nie byłem w stanie porównać „konkretnych” danych np. z pliku przy użyciu tego programu. Nie mogłem zatem sprawdzić powiązania ewolucyjnego. Załączam zrzut ekranu jako dowód, że program ma problem z zakończeniem działania (zrzut wykonano po ok. 10 minutach od uruchomienia...).



```
Command Window
>> main
Choose the parameters
Match:4
Mismatch:-4
Gap:-5
Choose the method.
1. From text
2. From file
3. From database
Your choice:2
Enter file name: fasta_files/Mammoth.fasta
Choose method for the second sequence: 2
Enter file name: fasta_files/AsiaticElephant.fasta
fx
```

Jeśli uda mi się otrzymać wyniki to wstawię je w osobnym pliku na GitHubie, lecz zakładam, że będzie to po północy.

Załączam zatem wynik programu po wprowadzeniu znacznie mniejszej ilości danych:

```
1 Gap: -5
2 Match: 4
3 Length: 6
4 Length: -4
5 Match count: 5
6 Gap count: 2
7 Identity: 4/6(67)
8 Gaps: 2/6(33)
9 ATCTC
0 ATC__
1
```

