Zadanie 2

Wojciech Miśta, 236453

Algorytm znajduje się w osobnym pliku na repozytorium.

Analiza złożoności obliczeniowej:

scoreMatrix.m

```
□ function [scoredMatrix, indexMatrix] = scoreMatrix(scoredMatrix, match, mismatch, gap, m, n)
     indexMatrix = zeros(size(scoredMatrix));
     for k = 1:m%wiersze
         for p = 1:n%kolumny
              if (scoredMatrix(k+1,p+1) == 1)
                  val1 = scoredMatrix(k,p) + match;
                  val1 = scoredMatrix(k,p) + mismatch;
              end
                  valGap1 = scoredMatrix(k,p+1) + gap; %one up
                  valGap2 = scoredMatrix(k+1,p) + gap; %one left
                  [maxValue,index] = max([val1 valGap1 valGap2]);
                  scoredMatrix(k+1,p+1) = maxValue;
                  % if 1 - match/mismatch
                  %if 2 - gap up
%if 3 - gap left
                  indexMatrix(k+1,p+1) = index;
          end
      end
```

m,n – długość sekwencji wejściowej

Złożoność obliczeniowa: O(mn)

Złożoność przestrzenna: O(mn)

<u>createMatrixPath.m</u>

```
function [matrixPath, length, matchCount, gapCount, seq1Array, seq2Array] = createMatrixPath
 \mbox{\ensuremath{\mbox{\$}}} this function creates the path and creates a sequence output
      length = 0;
      matchCount = 0;
      gapCount = 0;
      matrixPath = zeros(size(indexMatrix));
      i = 1;
     while (curColumn > 1) || (curRow > 1)
          matrixPath(curRow,curColumn) = 1;
          if(indexMatrix(curRow, curColumn) == 1)
              if(matrixCompared(curRow-1,curColumn-1) == 1) %bo nie wiem czy to match czy misma
                  matchCount = matchCount + 1;
                   seq1Array(i) = seq1 (curRow-1);
                   seq2Array(i) = seq2(curColumn-1);
              curColumn = curColumn - 1;
              curRow = curRow - 1;
          elseif(indexMatrix(curRow,curColumn) == 2)
              seq1Array(i) = seq1(curRow-1);
              seq2Array(i)='_';
              curRow = curRow - 1;
              gapCount = gapCount + 1;
          else
              seq1Array(i)='_';
              seq2Array(i) = seq2(curColumn-1);
              curColumn = curColumn - 1;
              gapCount = gapCount + 1;
          end
          length = length +1;
          i = i + 1;
      end
 end
```

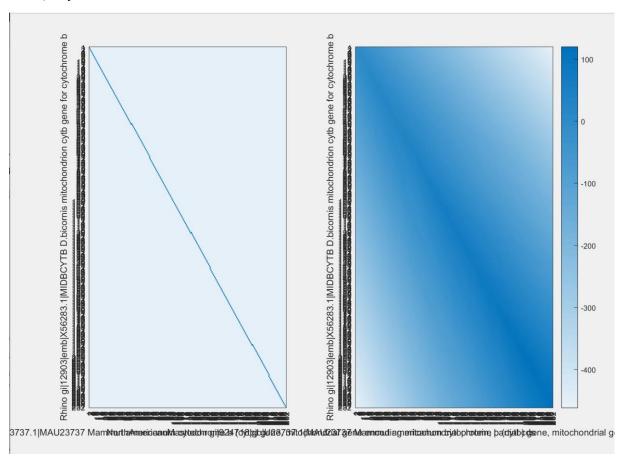
p – rozmiar zmiennej 'matrixPath'

Złożoność czasowa: O(p)

Złożoność przestrzenna: O(p²)

Porównanie przykładowych par sekwencji:

Powiązanych:



Gap: -2
Match: 1
Length: 235
Length: -1

Match count: 181
Gap count: 6

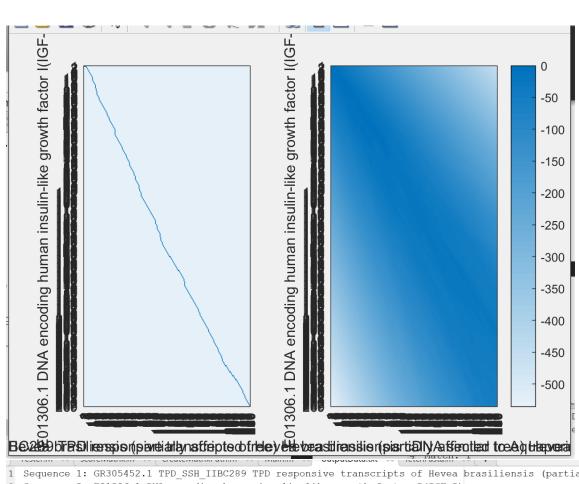
Identity: 180/235(77)

Gaps: 6/235(3)

GAAATTTGGCTCCTACTAGGATGCCTAATCAAATCCTAA GAAATTTGGCTCCTACTAGGATGCCTAATCAAATCCTAA

Porównanie mamuta oraz nosorożca.

Niepowiązanych:



```
Sequence 1: GR305452.1 TPD_SSH_IIBC289 TPD responsive transcripts of Hevea brasiliensis (partiall
  Sequence 2: E01306.1 DNA encoding human insulin-like growth factor I(IGF-I)
  Gap: -2
  Match: 1
  Length: 278
 Length: -1
 Match count: 141
8
 Gap count: 57
 Identity: 140/278(50)
9
.0 Gaps: 57/278(21)
   .2
 GAATTCACGG__CCC__G_A_AC_TCTGTG_CTG_ATGGTT___GACC_ATG_G__CGTGA_CC__GTGGT__T_TT_
.3
```