Zadanie 4

Wojciech Miśta 236453

multipleSequenceAligment.m

```matlab
function [finalSequenceStruct] = multipleSequenceAligment(usefulSequencesStruct,x,centralIdent)
%MULTIPLESEQUENCEALIGMENT Summary of this function goes here
%   Detailed explanation goes here
finalSequenceStruct = struct;

%jeśli dopasowywany powoduje gapa w centralnym -> dodaj gap do wszystkich
%poza dopasowywanym
%jeśli mismatch to nic
%jeśli centralny pierwszy ma gap, dodaj gap do dopasowywanego

%loop przez ilosc dopasowan jakie będą robione
for i = 1:x
    backup = usefulSequencesStruct;
    %jesli nie ma nic w finalnej strukturze
    if (isempty(fieldnames(finalSequenceStruct)))
        finalSequenceStruct.(centralIdent) = usefulSequencesStruct.("s" + i).(centralIdent);
        usefulSequencesStruct.("s" + i) = rmfield(usefulSequencesStruct.("s" + i),centralIdent);
        lastField = char(fieldnames(usefulSequencesStruct.("s" + i)));
        finalSequenceStruct.(lastField(1)) = usefulSequencesStruct.("s" + i).(lastField(1));
    else
        %jeśli struktury do dopasowania istnieją
        if(isfield(usefulSequencesStruct,char("s"+i)))
            %Centralna sekwencja z danego dopasowania
            usefulCentral = usefulSequencesStruct.("s" + i).(centralIdent);

            %usun z dopasowan zeby uzyskac pozosałą
            usefulSequencesStruct.("s" + i) = rmfield(usefulSequencesStruct.("s" + i),centralIdent);

            %Pozostała nazwa field sekwencji z danego dopasowania
            lastField = char(fieldnames(usefulSequencesStruct.("s" + i))); %dopasowywana

            %pozostała sekwencja
            lastSequence = char(usefulSequencesStruct.("s" + i).(lastField));

            %Field names w finalnej strukturze
            existingSequencesFields = fieldnames(finalSequenceStruct);

            c = 1;
            currentCentral = char(finalSequenceStruct.(char(existingSequencesFields(1))));

            while numel(currentCentral) ~= numel(lastSequence)
                %for c = 1:numel(lastSequence)
                currentCentral = char(finalSequenceStruct.(char(existingSequencesFields(1))));
                %patrzymy czy jest gap w starym dopasowaniu
                if(numel(usefulCentral) >= c)
                    if(usefulCentral(c) == '_')
                        %patrzymy czy jest gap w NOWYM dopasowaniu
                        if(currentCentral(c) == '_')
                            %nie rób nic, po prostu dodaj
```

```matlab
                            else
                                %nadpisz nowe dopasowanie + wszystkie
                                for n = 1:numel(existingSequencesFields)
                                    currentSeq = char(finalSequenceStruct.(char(existingSequencesFields(
                                    currentField = char(existingSequencesFields(n));

                                    if(c ~= 1)
                                        currentSeq = char(strcat(currentSeq(1:c-1) + "_" + currentSeq(c:
                                    elseif(c == numel(currentSeq))
                                        currentSeq = char(strcat(currentSeq + "_"));
                                    elseif(c == 1)
                                        currentSeq = char(strcat("_" + currentSeq));
                                    end
                                    finalSequenceStruct.(currentField) = currentSeq;
                                end
                            end
                        elseif(currentCentral(c) == '_')
                            if(c ~= 1)
                                lastSequence = char(strcat(lastSequence(1:c-1) + "_" + lastSequence(c:er
                            elseif(c == numel(lastSequence))
                                lastSequence = char(strcat(lastSequence + "_"));
                            elseif(c == 1)
                                lastSequence = char(strcat("_" + lastSequence));
                            end

                                %dopisz gap do nowej sekwencji
                            else
                                lastSequence = char(strcat(lastSequence + "_"));
                            end
                        end
                        c = c + 1;
                    end
                    finalSequenceStruct.(lastField) = lastSequence;
                end
            end
            usefulSequencesStruct = backup;
end
end
```

Złożoność czasowa: $O = kn^2 + k^2l$

```
                    ┌─────────────┐
                    │    Start    │
                    └──────┬──────┘
                           │
                           ▼
                    ┌─────────────┐
                    │ scoreMatrix,│
                    │sequenceStruct│
                    └──────┬──────┘
                           │
                           ▼
              ┌────────────────────────┐
              │ Wykonanie dopasowania  │
              │ globalnego dla poszczególnych │
              │       sekwencji        │
              └────────────┬───────────┘
                           │
                           ▼
              ┌────────────────────────┐
              │ Wybranie sekwencji o najmniejszym │
              │ koszcie dopasowania względem │
              │       pozostałych      │
              └────────────┬───────────┘
                           │
                           ▼
              ┌────────────────────────┐
              │ usefulSequencesStruct, │
              │     centralIdent,      │
              │           x            │
              └────────────┬───────────┘
                           │
                           ▼
              ┌────────────────────────┐
              │ Stworzenie struktury początkowej, │
              │      jeśli jest pusta  │
              └────────────┬───────────┘
                           │
                           ▼
```

Pętla po poszczególnych sekwencjach:
jeśli w sekwencji centralnej danego dopasowania występuje na danej pozycji gap, należy umieścić go na tym samym miejscu w pozostałych sekwencjach, w tym sekwencji centralnej.
jeśli nie, przepisywanie sekwencji następuje normalnie,
jeśli w danej sekwencji centralnej występuje gap, nalezy umieścić go w tym samym miejscu w sekwencjach dopasowywanych

```
                           │
                           ▼
                    ┌─────────────┐
                    │ Lista dopasowanych │
                    │   sekwencji │
                    └──────┬──────┘
                           │
                           ▼
                    ┌─────────────┐
                    │    Stop     │
                    └─────────────┘
```