

Wstęp do bioinformatyki

Nr ćwiczenia: 3

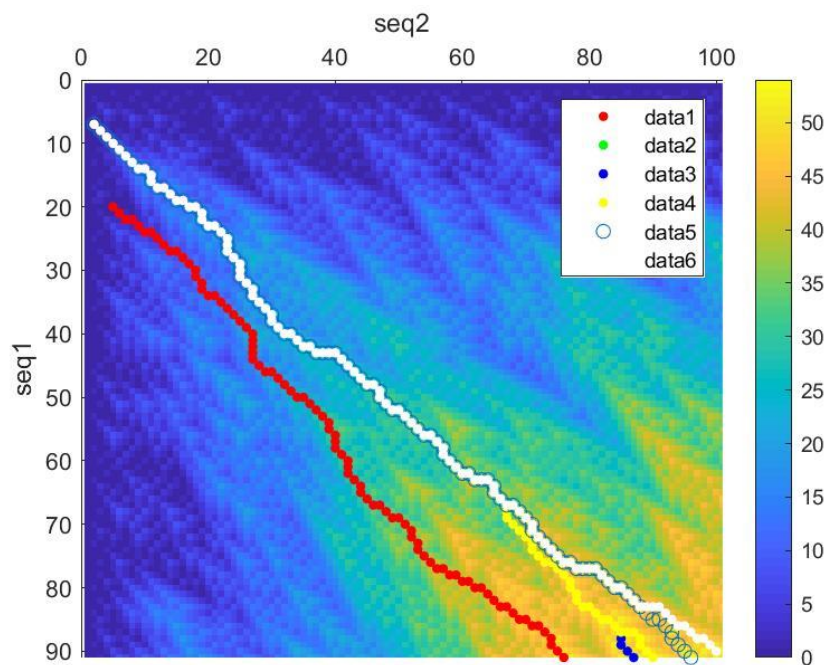
Temat ćwiczenia: Dopasowanie lokalne par sekwencji

Nazwisko i Imię prowadzącego kurs: dr inż. Witold Dyrka

Wykonawcy:	
Imię i Nazwisko Nr indeksu, wydział	Edyta Krukowska 217097, WPPT
Termin zajęć: dzień tygodnia, godzina	Piątek 11.15
Data oddania sprawozdania	15.02.2019

Repozytorium: <https://github.com/Edie1995/Bioinformatyka/tree/zadanie3>

1. Prezentacja działania programu:



Rysunek 1 Przykład działania programu, dla przykładowych sekwencji wpisanych z klawiatury

2. Schematy blokowe algorytmu dopasowania

Rysunek 2 Schemat blokowy - wyznaczenie ścieżki optymalnego dopasowania sekwencji

3. **Oszacowanie złożoności czasowej obliczeniowej i pamięciowej kodu poszczególnych funkcji i całego programu:**

4. Porównanie przykładowych par sekwencji

4.1. Ewolucyjnie powiązanych

- **Porównanie sekwencji szczura z kozą**

Rysunek 3 Macierz kosztu z naniesioną ścieżką optymalnego dopasowania porównującą szczura (oś y) i kozę (oś x)

Rysunek 4 Konsolowy wynik działania programu dla Szczura i Kozy

- **Porównanie kota z panterą**

Rysunek 5 Macierz kosztu z naniesioną ścieżką optymalnego dopasowania porównującą kota (oś y) z panterą (oś x)

Rysunek 6 Konsolowy wynik działania programu dla Kota i Pantery



4.2. Ewolucyjnie niepowiązanych

- **Porównanie żaby szponiastej z kozą**

Rysunek 7 Macierz kosztu z naniesioną ścieżką optymalnego dopasowania wygenerowana dla żaby szponiastej (oś y) oraz kozy (oś x)

Rysunek 8 Konsolowy wynik działania programu dla Żaby szponiastej i Kozy