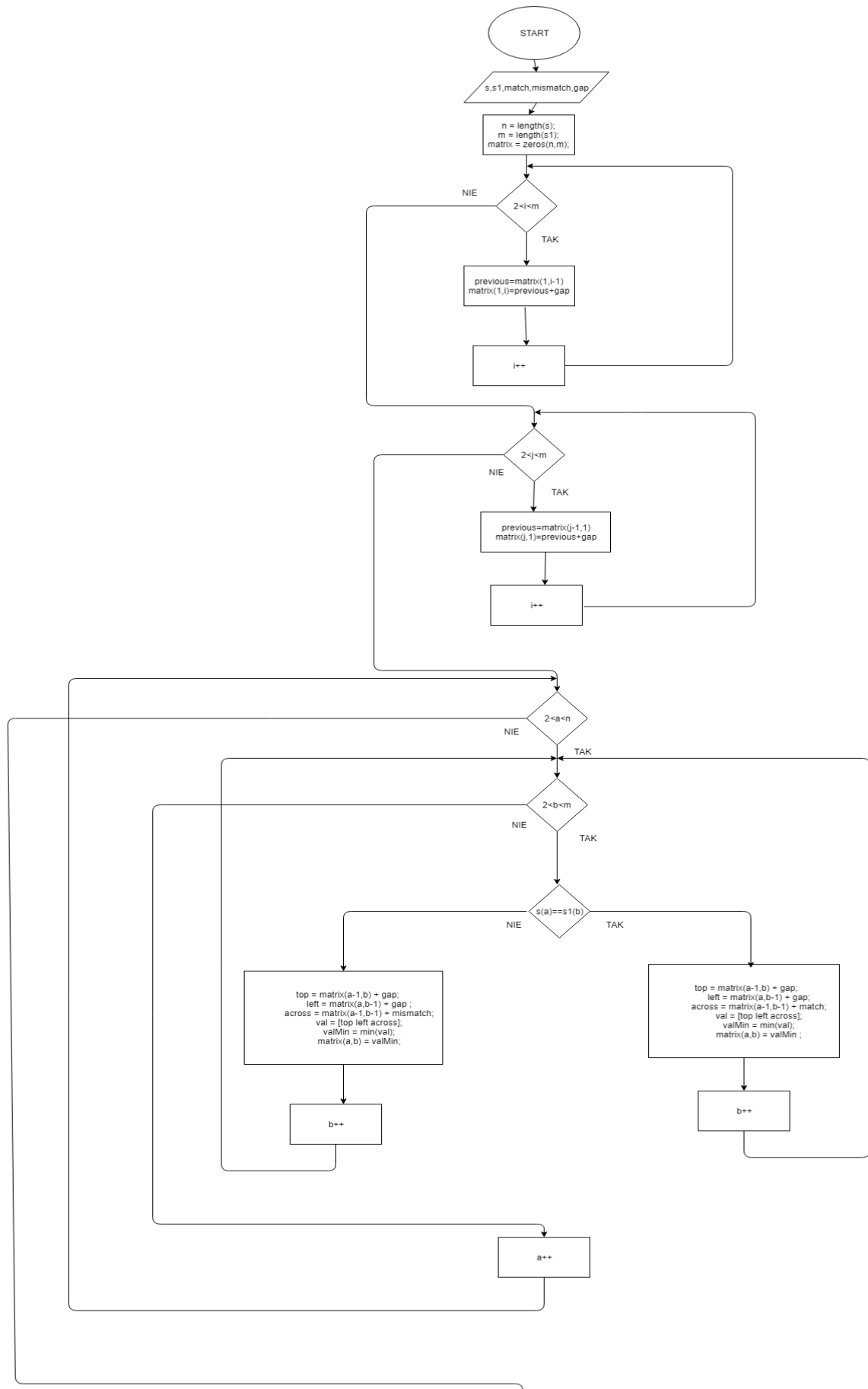


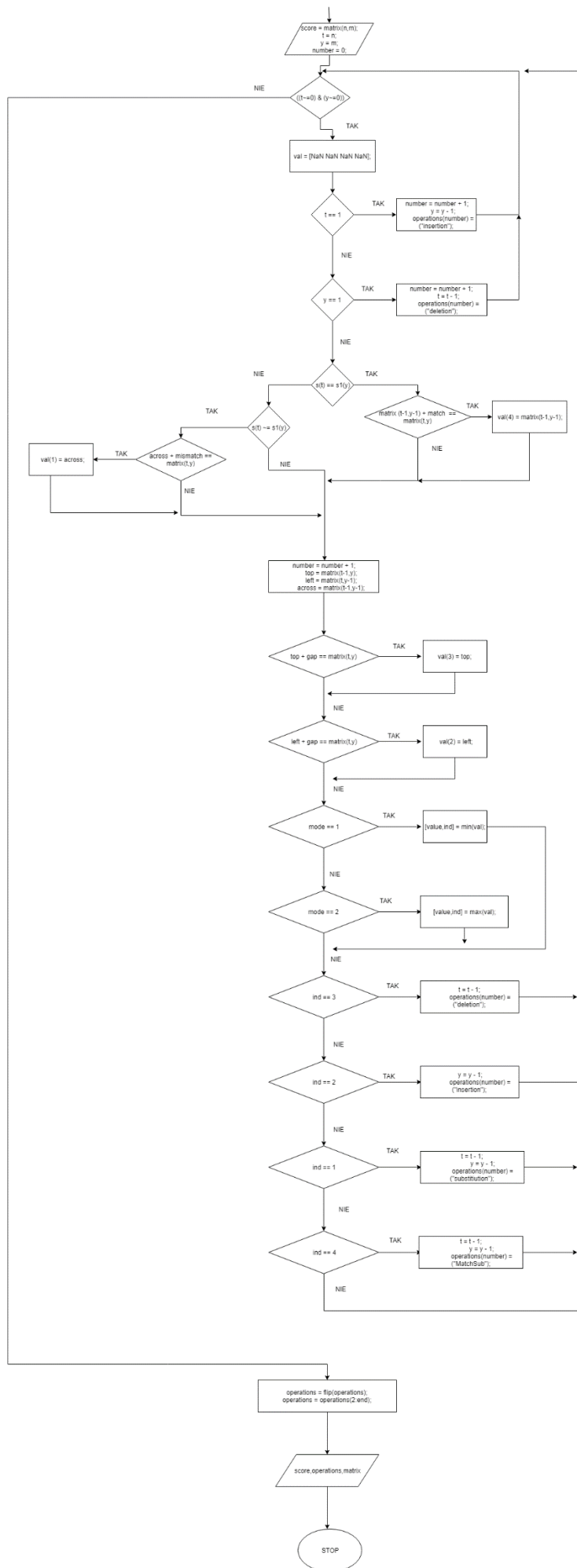
Jakub Cieplucha 230331

Wstęp do bioinformatyki

Zdanie 2

- 1. Schemat blokowy algorytmu dopasowania globalnego.**





2. Analiza złożoności obliczeniowej czasowej i pamięciowej.

2.1 Funkcja scoreMatrix

a) czasowa

$$O(nm)$$

b) pamięciowa

$$S(n,m)=nm+n+m+9$$

2.2 Funkcja nwDisplay

a) czasowa

$$O(nm)$$

b) pamięciowa

$$S(n,m)=2nm+4$$

2.3 Funkcja optimalPath

a) czasowa

$$O(nm)$$

b) pamięciowa

$$S(n,m)=nm+11$$

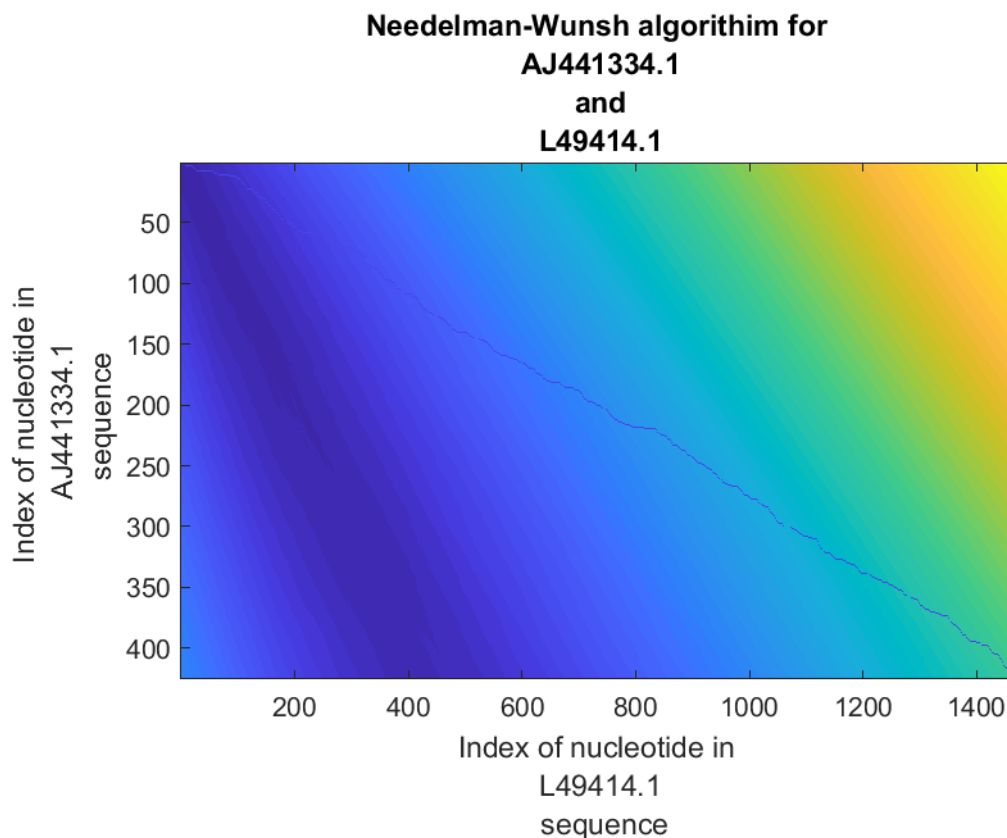
3. Porównanie przykładowych par sekwencji.

a) Ewolucyjnie powiązanych

[illegible]

Dopasowanie globalne wykazało 53% podobieństwo pomiędzy sekwencjami, wskazujące na ich powiązanie ewolucyjne. Jedynie 15% sekwencji wymagało wystąpienia przerwy.

b) Ewolucyjnie niepowiązanych



Rysunek nr 3. Dopasowanie globalne sekwencji ewolucyjnie niepowiązanych.

```
>> zadanie2('identifier1','AJ441334.1','identifier2','L49414.1')
# 1: AJ441334.1
# 2: L49414.1
# Mode: distance
# Match: -1
# Mismatch: 1
# Gap: 2
# Score: 1694
# Length: 1472
# Identity: 413(28%)
# Gaps: 1048(71%)
      TA          T T T C          A A C T          A          T A A GA A CA TT          AA T GA C CA A CA T TC G A A
      ||          ||| ||          ||| ||          |          | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
GAGAGTACGAAGACCCAGATCTCTCCCTCGTCTCCTGTGGGCCCTCTCTTGATGAGAGCTGGTGGCTGTGGGCTGCCTAGCCCCGGGACTTCCTACCCCAACGTCATCACCTTCTCCTTGGAACTACCAGAACACACTGTAGTCAGTATCCAGGACATC
>>
```

Rysunek nr 4 . Wynik dopasowania globalnego.

Znaczną większość dopasowania zajmują przerwy(71%), a miejsca wystąpienia odpowiadających sobie nukleotydów stanowią zaledwie 28%, co potwierdza niepowiązanie ewolucyjne tych sekwencji.