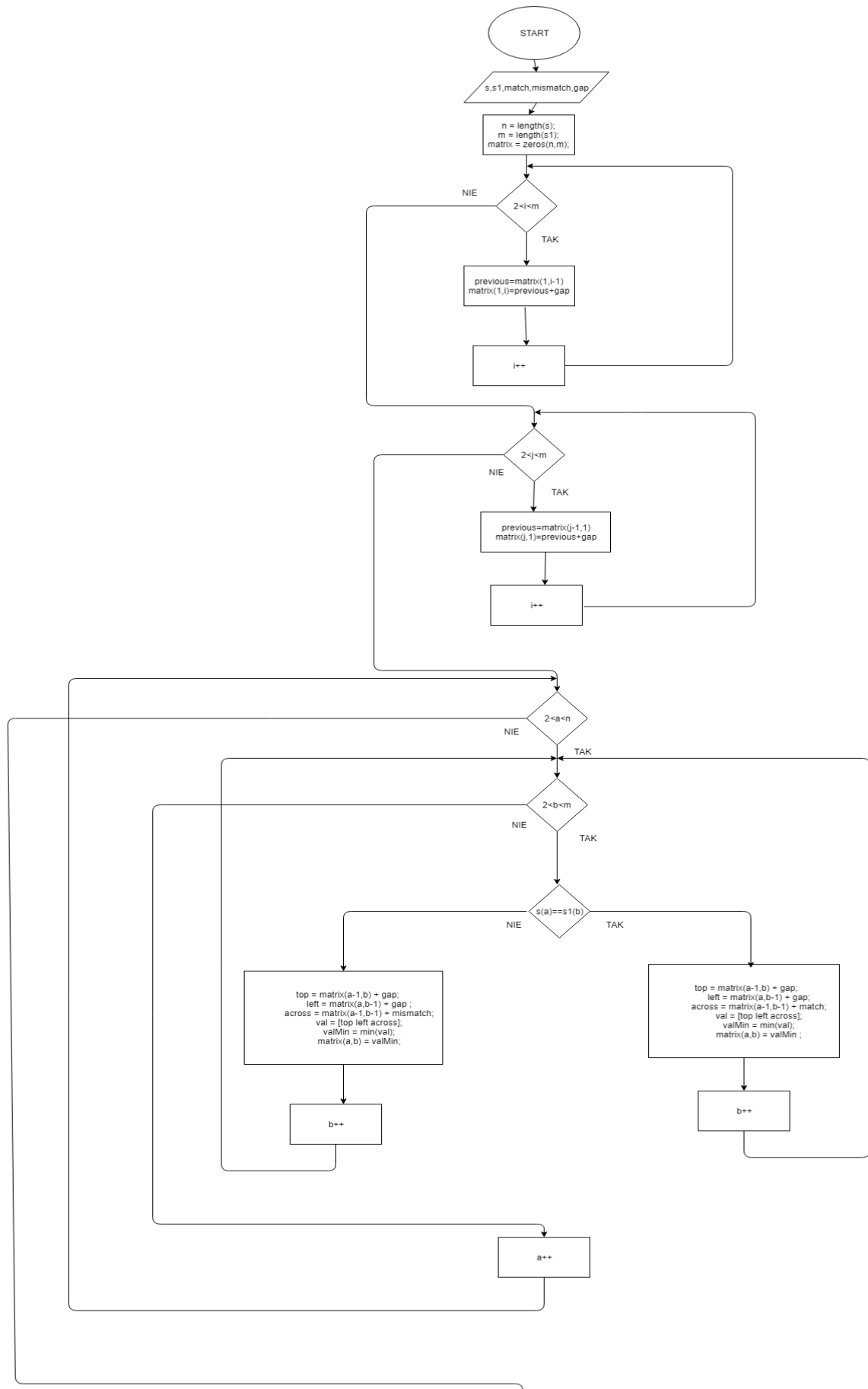


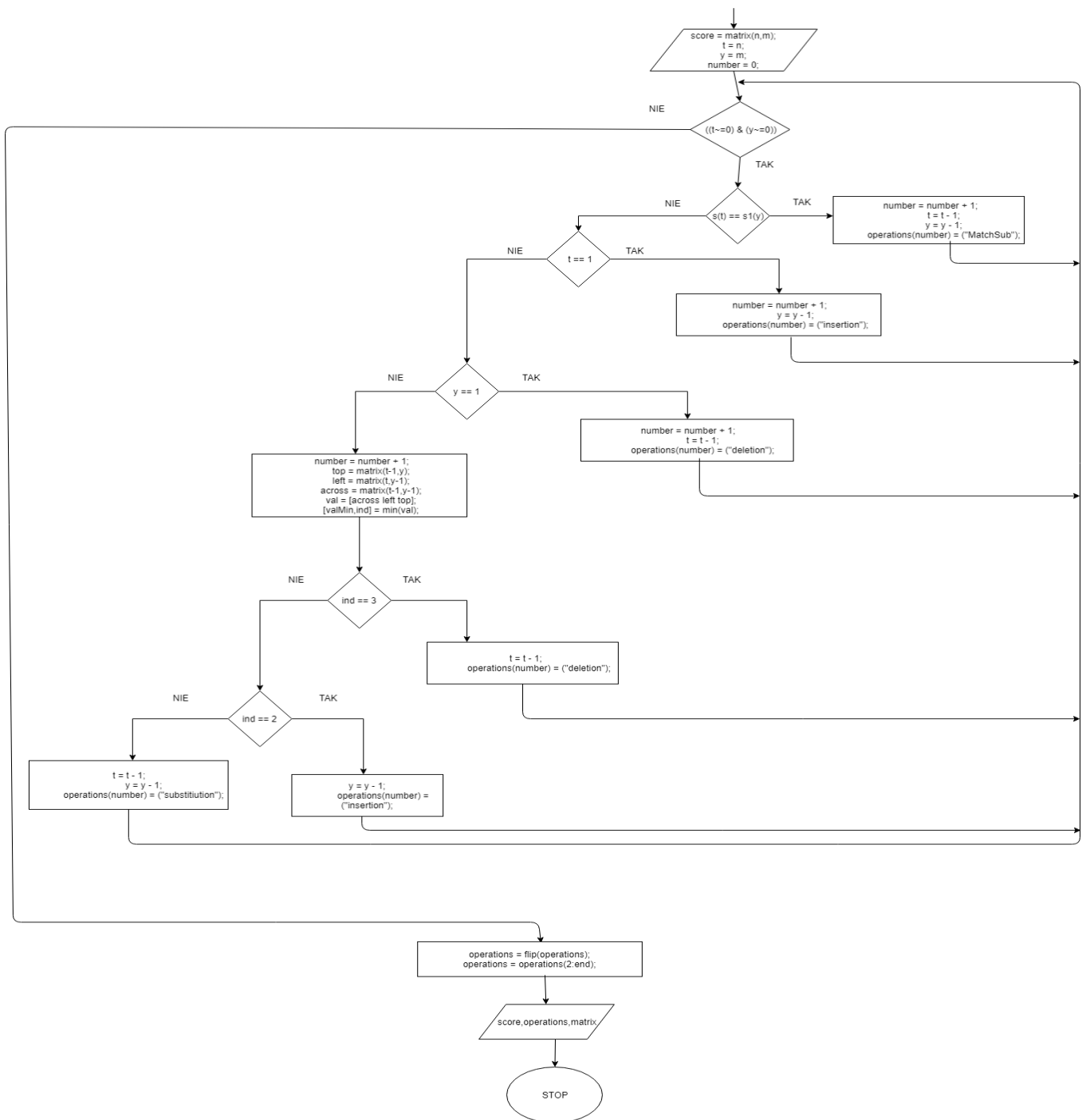
Jakub Cieplucha 230331

## **Wstęp do bioinformatyki**

### **Zdanie 2**

- 1. Schemat blokowy algorytmu dopasowania globalnego.**





## 2. Analiza złożoności obliczeniowej czasowej i pamięciowej.

### 2.1 Funkcja distance

a) czasowa

$O(nm)$

b) pamięciowa

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

## 2.2 Funkcja similarity

a)czasowa

$$O(nm)$$

b)pamięciowa

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

## 2.3 Funkcja nwDisplay

a)czasowa

$$O(nm)$$

b)pamięciowa

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

## 2.4 Funkcja optimalPath

a)czasowa

$$O(nm)$$

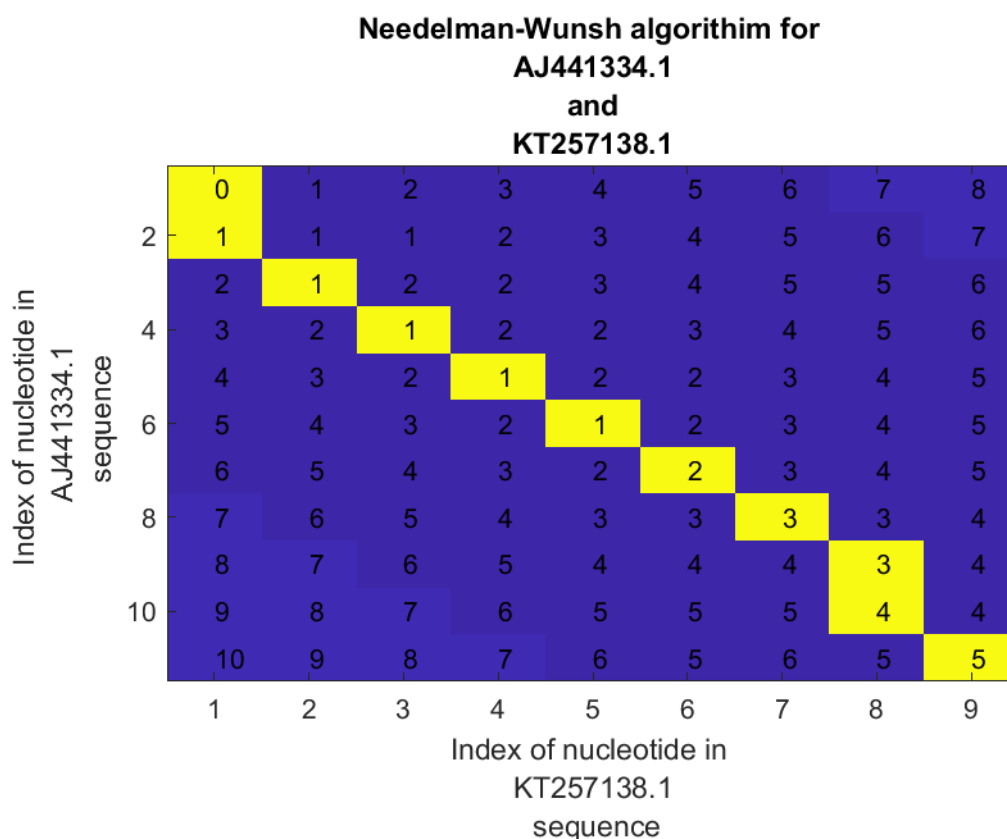
b)pamięciowa

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

## 3. Porównanie przykładowych par sekwencji.

W celu lepszego zwizualizowania działania programu porównywano krótkie, początkowe odcinki sekwencji. Przykład działania programu dla pełnej sekwencji :



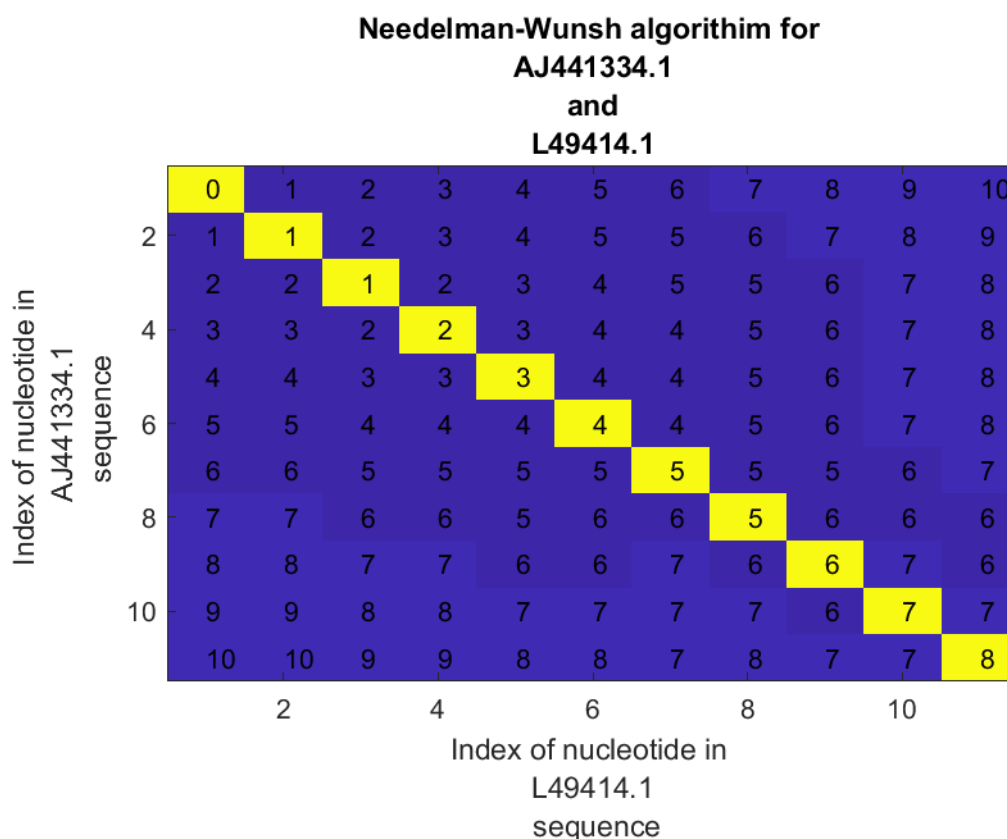


Rysunek nr 3. Dopasowanie globalne par krótkich odcinków sekwencji ewolucyjnie powiązanych.

```
>> zadanie2('identfier1','AJ441334.1','identfier2','KT257138.1')
# 1: AJ441334.1
# 2: KT257138.1
# Mode: distance
# Match: 0
# Mismatch: 1
# Gap: 1
# Score: 5
# Length: 10
# Identity: 5(50%)
# Gaps: 2(20%)
TATTTCAACT
|||||
_ATTTTGA_G
>>
```

Rysunek nr 4. Wynik dopasowania globalnego.

b) Ewolucyjnie niepowiązanych



Rysunek nr 5. Dopasowanie globalne par krótkich odcinków sekwencji ewolucyjnie niepowiązanych.

```

Command Window

>> zadanie2('identfier1','AJ441334.1','identfier2','L49414.1')
# 1: AJ441334.1
# 2: L49414.1
# Mode: distance
# Match: 0
# Mismatch: 1
# Gap: 1
# Score: 8
# Length: 10
# Identity: 2(20%)
# Gaps: 0(0%)
TATTTCAACT
  |      |
GAGAGTACGA
fx

```

Rysunek nr 6 . Wynik dopasowania globalnego.