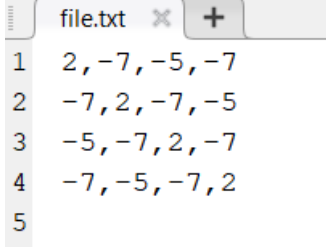


Składnia

analize_L3(loadingMode,seq1, seq2, graficzne, myFasta, scoring, gap)

argument wejściowy	wyjaśnienie
loadingMode	tryb wczytania sekwencji, możliwe wartości tego argumentu wejściowego (String): <ul style="list-style-type: none"> • 'keyboard' • 'fasta' • 'ncbi'
seq1, seq2	<ul style="list-style-type: none"> • sekwencje wpisane z klawiatury, String • nazwy plików w formacie FASTA, String • id sekwencji w bazie ncbi w zależności od wybranego trybu wczytywania, String
scoring	<p>Schemat punktowania zgodności i niezgodności przy pomocy macierzy 4x4. Macierz może zostać wpisana ręcznie przez użytkownika lub załadowana z pliku tekstowego. Przykładowy format pliku tekstowego (kolejne liczby muszą być oddzielone przecinkami, każdy wiersz jest nową linią):</p> 
gap	kara za wystąpienie przerwy
graficzne	1 v 0 (1 powoduje wygenerowanie ścieżki dopasowania i jej zapis do pliku)
myFasta	1 v 0 (1 powoduje wyświetlenie tablicy i jej zapis do pliku)

Przykładowe użycia

```
1) analize_L3('keyboard', 'ADCGADCGAA----AD', 'ADC-----GAAAC',1,1,[5 -3
-2 -3; -3 5 -3 -2; -2 -3 5 -3; -3 -2 -3 5],0);
```

Powoduje ono porównanie dwóch sekwencji wpisanych z klawiatury, wyświetlenie graficznej reprezentacji macierzy punktacji, jej zapis oraz wygenerowanie ścieżki dopasowania i jej zapis do pliku.

```
2) analize_L3('fasta', 'gorillaERV.fasta',
'chimpERV.fasta',1,1,'file.txt',-1);
```

W tym przypadku otrzymamy porównanie dwóch sekwencji z plików w formacie FASTA. Otrzymamy graficzną reprezentację macierzy punktacji, wygenerowanie i zapis ścieżki dopasowania, tablica punktacji zostanie wczytana z pliku txt.