**Sprawozdanie**

**Algorytm w postaci listy kroków**

1. Tworzymy listę podciągów ze spectrum, oraz pustą listę sekwencji
2. Bierzemy (usuwamy go z listy) pierwszy element z listy (może być też losowy) i dodajemy do listy sekwencji (jako nowa sekwencja nazwijmy ją ***s*** )
3. Dla sekwencji ***s*** do listy sekwencji szukamy pierwszego elementu z listy podciągów (kopia spectrum) którego podciąg bez pierwszego aminokwasu jest równy podciągowi sekwencji pierwszych ***l – 1***aminokwasów.
4. Jeśli znaleziono taki element to: usuwamy go z listy podciągów (spectrum) i na początek sekwencji ***s*** doklejamy pierwszy aminokwas z tego elementu, a następnie przechodzimy do kroku 3. Jeśli nie znaleźliśmy takiego elementu to przechodzimy dalej.
5. Szukamy pierwszego elementu z listy podciągów (kopia spectrum) którego podciąg bez ostatniego aminokwasu jest równy podciągowi sekwencji ***s*** ostatnich ***l – 1***aminokwasów.
6. Jeśli znaleziono taki element to: usuwamy go z listy podciągów (spectrum) i na koniec sekwencji ***s*** doklejamy ostatni aminokwas z tego elementu, a następnie przechodzimy do kroku 5. Jeśli nie znaleźliśmy takiego elementu to przechodzimy dalej.
7. Jeśli lista podciągów (spectrum) nie jest pusta przechodzimy do kroku 2.
8. Ustalamy zmienną ***j = l – 2*** :
9. Sortujemy listę sekwencji względem ich długości (malejąco)
10. Jeśli zmienna ***j*** jest równa zero lub jeśli lista zawiera tylko jedną sekwencję przechodzimy do kroku 16.
11. Nazwijmy chwilowo największą sekwencję (pierwszą z listy) ***s1***
12. Szukamy pierwszej (z pominięciem sekwencji ***s1***) sekwencji ***s2*** z listy (zgodnie z kolejnością listy - od największej do najmniejszej) której podciąg pierwszych ***j*** aminokwasów jest równy podciągowi ostatnich ***j*** aminokwasów sekwencji ***s1***.
13. Jeśli znaleźliśmy sekwencję ***s2*** to doklejamy na koniec sekwencji ***s1*** sekwencję ***s2*** bez pierwszych ***j*** aminokwasów, następnie usuwamy sekwencję ***s2*** z listy sekwencji i przechodzimy do kroku 12. . Jeśli nie znaleźliśmy sekwencji ***s2*** to przechodzimy dalej.
14. Za sekwencję ***s1*** przyjmujemy kolejną sekwencję z listy i przechodzimy do kroku 12. Jeśli nie ma kolejnej sekwencji na liście przechodzimy dalej.
15. Zmniejszamy zmienną ***j*** o 1 i przechodzimy do kroku 9.
16. Bierzemy pierwszą sekwencję z listy sekwencji (największą) i nazwijmy ją ***sw***
17. Jeśli sekwencja ***sw*** jest większa od ***n*** za ostateczny wynik przyjmujemy pierwsze ***n*** aminokwasów sekwencji ***sw***. Jeśli nie za ostateczny wynik przyjmujemy całą sekwencję ***sw***.