

Файл с результатами работы находится в Файле проекта.

Для выполнения заданий данного практикума была взята аминокислотная последовательность белка белка: *periplasmic phosphate binding protein* (периплазматический фосфат-связывающий белок) из организма бактерии *Rhodospseudomonas palustris CGA009* (идентификатор белка в базе данных RefSeq NP_950114.1). Данная последовательность доступна в формате *fasta*.

Ссылка на 1.fasta

1) Поиск гомологов белка при помощи PSI-BLAST.

Таблица 1. Сравнение итераций программы PSI-BLAST.

Итерация	Количество находок лучше порога	Новые находки	ID лучшей	Score лучшей	E-value лучшей	ID худшей	Score худшей	E-value худшей
1	27	---	65	438	4e-152	21	43.5	0.001
2	36	да	55	387	4e-132	23	53.7	7e-07
3	37	да	54	356	5e-121	17	54.5	2e-07
4	37	---	54	358	2e-120	18	73.4	6e-14

Ссылка на 2.fasta

3) Построение множественного выравнивания с помощью программы *muscle* на сервере *codomo*

Из полученных находок было построено выравнивание с помощью следующей команды программы *muscle*: `muscle -in 2.fasta -out 3.fasta -maxiters 2`

Ссылка на 3.fasta – это полученное выравнивание в *fasta* формате

4) Построение множественного выравнивания типичных представителей данного семейства

В данном задании было необходимо построить множественное выравнивание программой *muscle* уже не всех белков семейства, а специально отобранных. При помощи опции *Remove redundancy* было выбрано 8 последовательностей, гомологичные по всей длине (*query cover* больше 87%) с *E-value* меньше $1e-3$

Ссылка на 4.fasta

5) Построение множественного выравнивания типичных представителей данного семейства.

При помощи программы `mafft` было построено множественное выравнивание тех же последовательностей. Была использована команда: `mafft 4.fasta > seq5.fasta`.

Ссылка на 5.fasta

6) Сравнение выравниваний.

Было проведено сравнение выравниваний. Для этого при помощи программы `muscle` было построено выравнивание двух выравниваний (команда: `muscle -profile -in1 4.fasta -in2 5.fasta -out 6.fasta`)

Ссылка на 6.fasta