Выравнивание и гомология

В работе было использовано выравнивание [align\_04.fasta](https://kodomo.fbb.msu.ru/FBB/year_14/term2/align/t08/alignments/align_04.fasta)

Результат выполнения заданий представлен в Project.jvp [формате](http://kodomo.fbb.msu.ru/~maria/education/term2/pr8/jvp_project) .jvp

**Раскраска гомологичных участков с помощью Jalview (Jalview 2.8.2).**

Для поиска гомологичных участков в последовательностях белков из одного семейства были использованы два типа раскраски: BLOSUM62 и ClustalX.

В раскраске по Blossum6 абсолютно консервативные колонки. Если в вертикальном блоке встречаются атомы, близкие по структуре, они закрашиваются более бледным цветом (рис1)



Раскраска ClustalX ориентирована в большей степени на функциональную консервативность аминокислот. Поэтому одним цветом может закрашиваться колонка, содержащая различные аминокислоты, но схожие по свойствам. (рис2)



# Поиск гомологии

Блоки помечены в строке "Blocks and Clusters" буквой В, участки кластеров между блоками - С, участок, не входящий в состав блоков и кластеров и имеющий самое большое число "гэпов", - буквой Х. (рис3)

На участке 30-40 видно явное сходство белков STAAC/1-81 и MACCJ/1-81 и в то же время их отличие от остальных белков. (рис4)



# Оценка сходства последовательности белков

Считая количество гомологичных вертикальных блоков, говорят о родственности белков и степени их родства или их не родственности.

|  |
| --- |
| **Сравнение выравниваний родственных и заведомо негомологичных белков**  |
| **Позиции выравнивания**  | Число | %  |
| **абсолютно консервативные**  | 10 |  11.36 |
| **абсолютно функционально консервативные**  | 27 | 30.68 |

# Добавление в выравнивание последовательности

В исходное выравнивание добавлена последовательность **align\_07.fasta** с идентификатором SYNLT. Выровнено программой Muscle и раскрашено

Clustalx.



# Добавление заведомо негомологичной последовательности

Добавленная заведомо негомологичная последовательность: первые 88 аминокислотных остатков последовательности белка periplasmic phosphate binding protein бактерии Rhodopseudomonas palustris CGA009

(идентификатор - NP\_950114.1). После перевыравнивания программой Muscle можно увидеть некоторое количество консервативных колонок.



# Выравнивание заведомо негомологичных белков

Мне удалось найти только один блок с наибольшей концентрацией функционально консервативных колонок.