**Предсказание парных выравниваний**

**Задание 1.**

Для этого практикума было выбрано выравнивание из восьмого практикума.(в проекте

oкно “all\_seq”)

Из всего выравнивания наименее гомологичными последовательностями оказались

BREBN и ETHHY. Найдены они с помощь команды Principal component analysis, наиболее отдаленный точки выбраны на глаз.

**Задание 2.**

Результат удаления лишних последовательностей представлен в проекте в окне “pair\_seq”.

**Задание 4.**

С помощью программ needle и water были построены новые выравнивания, все они представлены в проекте в следующих окнах:

“needle” (gap open=10, gap extension=0,5)

“needle\_1” (gap open=5, gap extension=0,25)

“water” (gap open=10, gap extension=0,5)

“water\_1” (gap open=3, gap extension=0,1)

**Задание 5.**

Для построения выравнивания заведомо негомологичных последовательностей были выбраны

B1Y8F1\_LEPCP и F2LXL4\_HIPMA. Сами построения представлены в окнах “nonhomologous\_needle” и “nonhomologous\_water”

**Задание 7-8.**

Для сравнения были выбраны множественное выравнивание и глобальное выравнивание(needle gap open-5, gap extension-0.25). Сравнение представлено в окне “compare\_align”.

Координаты одного участка различия: 85-91.

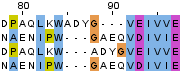


Рисунок . Участок различия с 5 одинаковыми колонками с двух концов.

Различающихся колонок выравнивания: 25(15,6%)

Данные о кол-ве идентичных и сходных участков последовательностей приведены в Табл. 1.

Таблица .

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Выравнивание | % идентичных | % сходных | Число гэпов |
| Из множественного | 45,6 | 20,1 | 3+5 |
| Глобальное(needle)  (для BREBN и ETHHY) | 46,9 | 19,5 | 1+2 |
| Локальное(water)  (для BREBN и ETHHY) | 46,9 | 19,5 | 1+2 |
| Глобальное(needle\_1)  (для заведомо негомологичных) | 47,7 | 20,1 | 10+11 |
| Локальное(water\_1)  (для заведомо негомологичных) | 48,3 | 20,8 | 20+21 |
| Глобальное для негомологичных | 16,7 | 13,6 | 76+34 |
| Локальное для негомологичных | 25,6 | 12,4 | 24+27 |

* Разницы между локальным и глобальным выравниванием гомологичных последовательностей в данном случае нет. Вероятно для всех подобных случаев разница так и будет отсутствовать или будет крайне малой.
* И все же, для гомологичных белков следует использовать глобальное выравнивание, чтобы не потерять различающиеся фрагменты.
* Для негомологичных белков лучше использовать локальное выравнивание, чтобы видеть в чем последовательности схожи.
* Сравнивая множественные и парные выравнивания стоит отметить, что чем больше последовательностей в выравнивании, тем точнее можно выделить блоки и кластеры, следовательно тем точнее модно определить гомологию.