

Dopasowywanie par sekwencji
(Pairwise Sequence Alignment - PSA)

Celem tego ćwiczenia jest poznanie ilościowych metod dopasowywania par sekwencji:

1. Dokładne metody dopasowania: globalnego (Needleman-Wunsch), lokalnego (Smith-Waterman)
 2. Przybliżone ilościowe metody dopasowania lokalnego par: BLAST (w implementacji różnych algorytmów)
- ❖ Metody te mają ci posłużyć do świadomej analizy różnych gatunków współczesnych i kopalnych w celu **wyznaczenia ich pokrewieństwa** (ocena za pomocą stopnia podobieństwa i drzew filogenetycznych).
 - ❖ Analizę przeprowadzisz w oparciu o **pełny genom mitochondrialny** (nukleotydowy) i jeden z jego produktów białkowych - **cytochrom b** (jego ewolucyjna szybkość zmienności jest bardzo odpowiednia przy ustalaniu pokrewieństwa pomiędzy gatunkami).
 - ❖ Porównasz podobieństwo wyników z różnych metod (oraz parametrów) dopasowania

Dane:

1. DNA cytochromu b kilku gatunków (sekwencja DNA – pliki dostarczone w dane.zip)
2. Białka cytochromu b (sekwencje białkowe – znajdź w serwisach, które poznałeś wcześniej):
Neandertalczyk, Człowiek, Szympan, Mucha, Słoń, Mamut,

Narzędzia:

- **BLAST** (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> lub <http://www.ebi.ac.uk/Tools/sss/ncbiblast/>)- włącz/wyłącz opcję “Align two or more sequences”. **Białka:** *blastp*, **nukleotydy:** *blastn* - sprawdź różne opcje w “Optimize For”.
 - Poprzez Resources/DNA&RNA znajdź sekwencję DNA wirusów grypy, przeprowadź analizę podobieństwa za pomocą BLAST.
 - Przeprowadź analizę dla różnych par sekwencji
- **Needleman-Wunsch** z NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov> w BLAST sekcja *Specialized BLAST/Global Sequence Alignment Tool/ Needleman-Wunsch*) oraz EBI-EMBL (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/> , sekcja *Global Alignment*).
- **Smith-Waterman** z EBI-EMBL (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/> sekcja *Local Alignment*)
- Zapoznaj się z innymi zmodyfikowanymi metodami PSA (EBI-EMBL: <http://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/>)

Stosując powyższe metody **zmień domyślne ustawienia punktacji dopasowań i przerw**