

Clustal – это одна из самых широко используемых компьютерных программ для *множественного выравнивания* нуклеотидных и аминокислотных последовательностей (multiple sequence alignment). У нее есть графическая версия ClustalX и версия для запуска в терминале ClustalW. Вы можете потренироваться запускать его с использованием файла [test.fasta](#).

Посмотрите справку по программе (имеется в виду версия для терминала) и **впишите** в поле ниже **команду**, которая запускает в терминале Clustal на файле test.fasta и выполняет *множественное выравнивание* (multiple alignment). Никакие лишние опции указывать не нужно (**только необходимые** для выполнения этого задания)!

Примечание: справку по опциям можно получить при помощи `man` или, если он у вас не работает, то в разделе "**Help for command line parameters**" файла `clustalw_help.txt`, который идет в поставке программы.

Примечание 2: программа Clustal запускает необходимый алгоритм выравнивания по умолчанию (т.е. если ему не указать каких-либо других опций), однако мы просим вас найти и **указать** в команде запуска **опцию**, которая явно говорит Clustal запустить именно множественное выравнивание. После этого вы можете сравнить вывод Clustal при запуске с этой опцией и без нее – результат должен быть одинаков.

Подсказка: если у вас не установлена программа Clustal, то её можно установить командой `sudo apt-get install clustalw` (или `clustalx`) или найдя её в Software Center по запросу `clustalw` (`clustalx`). Обратите внимание, что на некоторых дистрибутивах доступна только вторая версия программы (например, `clustalw2`), в этом случае можете использовать и её – все необходимые в задании опции будут точно такими же.

Напишите текст



Верно.

```
clustalw -infile=test.fasta -align
```

Следующий шаг

Решить снова