

ביולוגיה חישובית

תרגיל בית 2

חלק 2 – עימוד רצפים:

תוצאות הקוד שמבצע global alignment sequence pairwise ולספור התאמות עבור globalxx :

שאלה מס' 1 :

סעיף א: דמיון בין הרצפים דנ"א מבבון, חתול וקוף-מקק:

	baboon	cat	macaque
baboon	100%	74.01433691756273%	74.44051825677266%
cat	74.01433691756273%	100%	69.79710144927537%
macaque	74.44051825677266%	69.79710144927537%	100%

סעיף ב: דמיון בין רצפי דנ"א מיטוכונדריאלי מאדם, שימפנזה ואורנגאוטן:

אדם : Homo sapiens , שימפנזה : Pan troglodytes verus , אורנגאוטן : Pongo pygmaeus

	Pongo pygmaeus	Pan troglodytes verus	Homo sapiens
Pongo pygmaeus	100%	58.944954128440365%	58.666666666666664%
Pan troglodytes verus	58.944954128440365%	100%	67.62589928057554%
Homo sapiens	58.666666666666664%	67.62589928057554%	100%

שאלה מס' 2 :

Seq1: Pongo pygmaeus --> Seq2: Pan troglodytes verus

{'matches': 257, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 82, 'gaps_2': 97}

Seq1: Pan troglodytes verus --> Seq2: Pongo pygmaeus:

{'matches': 257, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 97, 'gaps_2': 82}

Seq1: Pan troglodytes verus --> Seq2: Homo sapiens:

{'matches': 282, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 78, 'gaps_2': 57}

Seq1: Homo sapiens --> Seq2: Pan troglodytes verus:

{'matches': 282, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 57, 'gaps_2': 78}

Seq1: Homo sapiens --> Seq2: Pongo pygmaeus:

{'matches': 264, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 90, 'gaps_2': 96}

Seq1: Pongo pygmaeus --> Seq2: Homo sapiens:

{'matches': 264, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 96, 'gaps_2': 90}

Seq1: baboon --> Seq2: cat:

{'matches': 1239, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 201, 'gaps_2': 234}

Seq1: cat --> Seq2: baboon:

{'matches': 1239, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 234, 'gaps_2': 201}

Seq1: cat --> Seq2: macaque:

{'matches': 1204, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 285, 'gaps_2': 236}

Seq1: macaque --> Seq2: cat:

{'matches': 1204, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 236, 'gaps_2': 285}

Seq1: macaque --> Seq2: baboon:

{'matches': 1264, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 209, 'gaps_2': 225}

Seq1: baboon --> Seq2: macaque:

{'matches': 1264, 'transitions': 0, 'transversions': 0, 'gaps_1': 225, 'gaps_2': 209}

שאלה מס' 3 :

חזרה על סעיף 2 אבל עבור globalms כך שך : $m = [2, -1]$ ו- $s = [-2.5, -2.1]$

כלומר : $Match=2$, $Mismatch=-1$, $open=-2.5$, $gap=-2.1$

Pongo pygmaeus --> Pan troglodytes verus

{'matches': 243, 'transitions': 39, 'transversions': 49, 'gaps_1': 8, 'gaps_2': 23}

Pan troglodytes verus --> Pongo pygmaeus:

{'matches': 243, 'transitions': 38, 'transversions': 50, 'gaps_1': 23, 'gaps_2': 8}

Pan troglodytes verus --> Homo sapiens:

{'matches': 277, 'transitions': 36, 'transversions': 18, 'gaps_1': 29, 'gaps_2': 8}

Homo sapiens --> Pan troglodytes verus:

{'matches': 277, 'transitions': 36, 'transversions': 18, 'gaps_1': 8, 'gaps_2': 29}

Homo sapiens --> Pongo pygmaeus:

{'matches': 254, 'transitions': 23, 'transversions': 48, 'gaps_1': 29, 'gaps_2': 35}

Pongo pygmaeus --> Homo sapiens:

{'matches': 254, 'transitions': 24, 'transversions': 47, 'gaps_1': 35, 'gaps_2': 29}

Seq1: baboon --> Seq2: cat:

{'matches': 1229, 'transitions': 152, 'transversions': 50, 'gaps_1': 9, 'gaps_2': 42}

Seq1: cat --> Seq2: baboon:

{'matches': 1229, 'transitions': 153, 'transversions': 49, 'gaps_1': 42, 'gaps_2': 9}

Seq1: cat --> Seq2: macaque:

{'matches': 1179, 'transitions': 190, 'transversions': 65, 'gaps_1': 55, 'gaps_2': 6}

Seq1: macaque --> Seq2: cat:

{'matches': 1179, 'transitions': 190, 'transversions': 65, 'gaps_1': 6, 'gaps_2': 55}

Seq1: macaque --> Seq2: baboon:

{'matches': 1243, 'transitions': 163, 'transversions': 52, 'gaps_1': 15, 'gaps_2': 31}

Seq1: baboon --> Seq2: macaque:

{'matches': 1243, 'transitions': 161, 'transversions': 54, 'gaps_1': 31, 'gaps_2': 15}

השוואה לתוצאות של סעיף 2:

לגבי התוצאות של אדם, שימפנזה, אורנגאוטן יותר הגניות ויש להם יותר אחוז דמיון וזה הגיוני כי אדם ושימפנזה הם במקור מ- הומינידיים וה- אורנגאוטן הוא ממשפחת ה- הומינידיים

לגבי התוצאות של בבון, חתול וקוף-מקק :

התוצאות בין ה- בבון וקוף-מקק נהיות יותר הגניות ויש להם אחוז דמיון יותר גבוהה כי שניהם שייכים למשפחת קופים בעלי זנב

למרות אחזור הדמיון בין החתול ו-(בבון וקוף-מקק) שנהיה יותר גבוהה וזה לא הגיוני שיעלה אבל האחוז הוא בסדר כי שניהם שייכים למשפחת ה- יונקים.