фенотип FRONTOTEMPORAL DEMENTIA 1 (FTD1) характеризуется прогрессирующей дегенерацией лобных и височных долей головного мозга, что приводит к выраженным изменениям поведения, снижению мотивации, нарушению исполнительных функций, абстрактного мышления и уменьшению речевой активности. На ранних стадиях память обычно сохраняется. Возможны дополнительные симптомы: паркинсонизм, моторные нарушения, напоминающие боковой амиотрофический склероз (БАС), а также амиотрофия.

Связан с мутацией в генах **MAPT** и **PSEN1**.

В качестве модельного организма была выбрана домовая мышь (Mus musculus).

MAPT:

- MAPT microtubule associated protein tau [Homo sapiens (human)]
 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/4137
- Mapt microtubule-associated protein tau [Mus musculus (house mouse)]
 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/17762

PSEN1:

- PSEN1 presenilin 1 [Homo sapiens (human)] https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/5663
- PSEN1 presenilin 1 [Mus musculus (house mouse)] https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/19164

Файлы FASTA с генами Humo sapiens и Mus musculus имеют в конце названия HS и MM соответственно. И находятся в папках с названиями генов MAPT / PSEN1.

Также в папках находятся файлы с выравниваниями с помощью алгоритмов matcher и stretcher. Так как цепочки генов MAPT и PSEN1 достаточно длинные, были выбраны именно эти алгоритмы.

Оценка качества выравниваний:

1. matcher

Для обоих генов (MAPT и PSEN1) matcher показывает высокую идентичность (65–66%) и низкий процент пропусков (11–13%).

Длина выравнивания у matcher значительно меньше, чем у stretcher, что говорит о более локальном выравнивании, фокусирующемся на наиболее схожих фрагментах.

Итоговый балл положительный, что указывает на качественное выравнивание.

2. stretcher

Для обоих генов stretcher дает значительно более длинные выравнивания, но при этом идентичность падает до 36–45%, а доля пропусков возрастает до 26–47%.

Итоговый балл отрицательный, что свидетельствует о большом числе несовпадений и вставок/удалений.

Такой подход характерен для глобального выравнивания: stretcher пытается выровнять всю последовательность целиком, даже если большая ее часть не совпадает.

Краткие выводы

matcher лучше подходит для поиска и анализа схожих регионов между двумя последовательностями, обеспечивая высокую точность на локальных участках.

stretcher полезен для глобального сравнения, но качество выравнивания по всей длине последовательностей ниже — много разрывов, низкая идентичность, отрицательный балл.