

Remigiusz Marciniak 244781
Zadanie 2: Dopasowanie globalne par sekwencji

Repozytoria

<https://gitlab.com/RemigiuszMMarciniak/pythonglobalsequencealignmentproject>

<https://github.com/RemigiuszMMarciniak/PythonGlobalSequenceAlignmentProject>

1.

Pseudokod algorytmu dopasowania globalnego

Występują dwie opcje dla dopasowania globalnego. Pierwsza z nich bierze pod uwagę odległość, zaś druga podobieństwo.

Wersja pierwsza:

Wypełnianie macierzy punktów:

1. Niech `score_matrix := (0 dla macierzy $\text{length}(\text{sekwencja1}) + 1 \times \text{length}(\text{sekwencja2}) + 1$, gap_score, del_score, sub_score, mismatch_score`
2. `length(sekwencja2) + 1`, `gap_score`, `del_score`, `sub_score`, `mismatch_score`
3. `:=` wartości punktacji wprowadzane przez użytkownika
4. dla `i` od 0 do `length(score_matrix) - 1`:
5. dla `j` od 0 do `length(score_matrix[i]) - 1`:
6. jeżeli `i == 0` oraz `j == 0`:
7. `score_matrix[i][j] := j * gap_score`
8. w przeciwnym wypadku gdy `i > 0` oraz `j == 0`:
9. `score_matrix[i][j] := i * gap_score`
10. w przeciwnym wypadku gdy `i >= 1` oraz `j >= 1`:
11. `del_score := score_matrix[i-1][j] + gap_score`
12. `ins_score := score_matrix[i][j-1] + gap_score`
13. `sub_score = score_matrix[i-1][j-1] + mismatch_score * sekwencja1[i-1] != sekwencja2[j-1]`
14. `1] != sekwencja2[j-1]`
15. `score_matrix[i][j] = minimum(del_score, ins_score, sub_score)`
16. Zakończ algortm i zwróć macierz `score_matrix`

Wyznaczanie drogi:

1. Niech `aln1 := ""`, `aln2 := ""`, `i := length(score_matrix) - 1`, `j =`
2. `length(score_matrix[0]) - 1`, `j_path := []`, `i_path := []`
3. Dopóki `i >= 0` oraz `j >= 0`:
4. Jeżeli `i == 0` oraz `j == 0` :
5. zapisz `i` oraz `j` do `i_path` oraz `j_path`

```

6.     przerwij pętle
7. del_score := score_matrix[i - 1][j]
8. ins_score := score_matrix[i][j - 1]
9. sub_score = score_matrix[i - 1][j - 1]
10. minimum_score = min(del_score, ins_score, sub_score)
11. Jeżeli minimum_score == sub_score:
12.     aln1 = seq1[i - 1] + aln1
13.     aln2 = seq2[j - 1] + aln2
14.     zapis i do i_path
15.     zapis j do j_path
16.     i--
17.     j--
16. w przeciwnym wypadku:
17. jeżeli minimum_score == del_score:
18.     aln2 = "-" + aln2
19.     aln1 = seq1[i - 1] + aln1
20.     zapis i do i_path
21.     zapis j do j_path
22.     i--
23.     j--
24 w przeciwnym wypadku:
25.     jeżeli minimum_score == del_score:
26.         aln2 = "-" + aln2
27.         aln1 = seq1[i - 1] + aln1
28.         zapis i do i_path
29.         zapis j do j_path
30.         i--
31.     w przeciwnym wypadku:
32.         aln2 = seq2[j - 1] + aln2
33.         aln1 = "-" + aln1
34.         zapis i do i_path
35.         zapis j do j_path
36.         j--
37. Zakończ algortm

```

Wersja druga:

Wypełnianie macierzy punktów:

1. Niech $\text{score_matrix} := (0 \text{ dla macierzy } \text{length}(\text{sekwencja1}) + 1 \times$
2. $\text{length}(\text{sekwencja2}) + 1)$, gap_score , del_score , sub_score , mismatch_score
3. $:=$ wartości punktacji wprowadzane przez użytkownika
4. dla i od 0 do $\text{length}(\text{score_matrix}) - 1$:
5. dla j od 0 do $\text{length}(\text{score_matrix}[i]) - 1$:
6. jeżeli $i == 0$ oraz $j == 0$:
7. $\text{score_matrix}[i][j] := j * \text{gap_score}$
8. w przeciwnym wypadku gdy $i > 0$ oraz $j == 0$:
9. $\text{score_matrix}[i][j] := i * \text{gap_score}$
10. w przeciwnym wypadku gdy $i \geq 1$ oraz $j \geq 1$:
11. $\text{del_score} := \text{score_matrix}[i-1][j] + \text{gap_score}$
12. $\text{ins_score} := \text{score_matrix}[i][j-1] + \text{gap_score}$
13. $\text{sub_score} = \text{score_matrix}[i-1][j-1] + \text{mismatch_score} * \text{sekwencja1}[i-$
14. $1] \neq \text{sekwencja2}[j-1]$
15. $\text{score_matrix}[i][j] = \text{maximum}(\text{del_score}, \text{ins_score}, \text{sub_score})$
16. Jeżeli $\text{sekwencja1}[i - 1] == \text{sekwencja2}[j - 1]$:
17. $\text{reward_score} = \text{score_matrix}[i - 1][j - 1] + \text{match_score})$
18. $\text{score_matrix}[i][j] = \text{maximum}(\text{int}(\text{del_score}), \text{int}(\text{ins_score}),$
19. $\text{int}(\text{sub_score}), \text{int}(\text{reward_score}))$
20. idź do kolejnego obiegu pętli
21. $\text{score_matrix}[i][j] = \text{maximum}(\text{int}(\text{del_score}), \text{int}(\text{ins_score}),$
22. $\text{int}(\text{sub_score}))$
23. Zakończ algorytm i zwróć macierz score_matrix

Wyznaczanie drogi:

1. Niech $\text{aln1} := ""$, $\text{aln2} := ""$, $i := \text{length}(\text{score_matrix}) - 1$, $j =$
2. $\text{length}(\text{score_matrix}[0]) - 1$, $j_path := []$, $i_path := []$
3. Dopóki $i \geq 0$ oraz $j \geq 0$:
4. Jeżeli $i == 0$ oraz $j == 0$:
5. zapisz i oraz j do i_path oraz j_path
6. przerwij pętlę
7. $\text{del_score} := \text{score_matrix}[i - 1][j]$
8. $\text{ins_score} := \text{score_matrix}[i][j - 1]$
9. $\text{sub_or_reward_score} = \text{score_matrix}[i - 1][j - 1]$
10. $\text{maximum_score} = \text{maximum}(\text{del_score}, \text{ins_score}, \text{sub_score})$
11. Jeżeli $\text{maximum_score} == \text{sub_or_reward_score}$:
12. $\text{aln1} = \text{seq1}[i - 1] + \text{aln1}$
13. $\text{aln2} = \text{seq2}[j - 1] + \text{aln2}$
14. zapisz i do i_path
15. zapisz j do j_path
16. $i--$

```

17.     j--
16. w przeciwnym wypadku:
17. jeżeli maximum_score == del_score:
18.     aln2 = "-" + aln2
19.     aln1 = seq1[i - 1] + aln1
20.     zapis i do i_path
21.     zapis j do j_path
22.     i--
23.     j--
24 w przeciwnym wypadku:
25.     jeżeli minimum_score == del_score:
26.         aln2 = "-" + aln2
27.         aln1 = seq1[i - 1] + aln1
28.         zapis i do i_path
29.         zapis j do j_path
30.         i--
31.     w przeciwnym wypadku:
32.         aln2 = seq2[j - 1] + aln2
33.         aln1 = "-" + aln1
34.         zapis i do i_path
35.         zapis j do j_path
36.         j--
37. Zakończ algortm

```

2.

Złożoność obliczeniowa czasowa i pamięciowa zaimplementowanych algorytmów

Program został zaprojektowany jako aplikacja konsolowa pobierająca argumenty wejściowe niezbędne do prawidłowego działania programu. Rozpatrzone zostaną funkcje przetwarzające sekwencje, zaś funkcje, które pobierają dane z serwera, od użytkownika lub zapisują macierz zostają pominięte. W tym przypadku możemy je pominąć ponieważ ich złożoność obliczeniowa nie zależy od danych wejściowych (czyli od długości sekwencji), lecz jest stała – $O(1)$. Ponadto, funkcje, zapisujące wynik do pliku są zależne od rozmiaru macierzy, lecz w tej analizie zostanie to pominięte. Rozpatrzmy następujące funkcje:

```

score_matrix = [[0 for x in range(len(seq2) + 1)] for y in range(len(seq1) + 1)]
score_matrix_displayed = [["" for x in range(len(seq2) + 2)] for y in range(len(seq1) + 2)]

if mode == "distance":
    # generate V table for Needleman-Wunsh algorithm (mode distance)
    for i in range(len(score_matrix)):
        for j in range(len(score_matrix[i])):

```

```

if i == 0 and j == 0:
    score_matrix[i][j] = 0
else:
    if i == 0 and j > 0:
        score_matrix[i][j] = j * int(gap_score)
    elif i > 0 and j == 0:
        score_matrix[i][j] = i * int(gap_score)
    elif i >= 1 and j >= 1:
        del_score = score_matrix[i - 1][j] + int(gap_score)
        ins_score = score_matrix[i][j - 1] + int(gap_score)
        sub_score = score_matrix[i - 1][j - 1] + int(
            int(mismatch_score) * bool(seq1[i - 1] != seq2[j - 1]))
        score_matrix[i][j] = min(int(del_score), int(ins_score), int(sub_score))

```

Złożoność obliczeniowa czasowa w tym przypadku zależna jest od rozmiarów macierzy *score_matrix*. Rozmiarami tej macierzy są długości obu sekwencji. Zatem złożoność obliczeniowa wynosi $O(n \times m)$. Jeżeli chodzi o złożoność pamięciową to wynosi ona $O(n \times m)$, ponieważ zmienne, które są zależne od wejścia to macierz o wymiarach $n \times m$. Pozostałe zmienne nie zależą od wejścia.

```

aln1 = ""
aln2 = ""
i = len(score_matrix) - 1
j = len(score_matrix[0]) - 1
i_path = []
j_path = []
while i >= 0 and j >= 0:
    if i == 0 and j == 0:
        i_path.append(i)
        j_path.append(j)
        break
    del_score = score_matrix[i - 1][j]
    ins_score = score_matrix[i][j - 1]
    sub_score = score_matrix[i - 1][j - 1]
    minimum_score = min(del_score, ins_score, sub_score)
    if minimum_score == sub_score:
        aln1 = seq1[i - 1] + aln1
        aln2 = seq2[j - 1] + aln2
        i_path.append(i)
        j_path.append(j)
        i = i - 1
        j = j - 1
    else:
        if minimum_score == del_score:
            aln2 = "-" + aln2
            aln1 = seq1[i - 1] + aln1
            i_path.append(i)
            j_path.append(j)
            i = i - 1

```

```

else:
    aln2 = seq2[j - 1] + aln2
    aln1 = "-" + aln1
    i_path.append(i)
    j_path.append(j)
    j = j - 1

```

W powyższej funkcji wybranie optymalnej ścieżki jest zależne również od rozmiarów macierzy, zatem posiada złożoność rzędu $O(n \times m)$. W przypadku złożoności pamięciowej jest ona stała - $O(1)$

else:

```

# generate V table for Needleman-Wunsh algorithm (mode similiarity)
for i in range(len(score_matrix)):
    for j in range(len(score_matrix[i])):
        if i == 0 and j == 0:
            score_matrix[i][j] = 0
        else:
            if i == 0 and j > 0:
                score_matrix[i][j] = j * int(gap_score)
            elif i > 0 and j == 0:
                score_matrix[i][j] = i * int(gap_score)
            elif i >= 1 and j >= 1:
                del_score = score_matrix[i - 1][j] + int(gap_score)
                ins_score = score_matrix[i][j - 1] + int(gap_score)
                sub_score = score_matrix[i - 1][j - 1] + int(
                    int(mismatch_score) * bool(seq1[i - 1] != seq2[j - 1]))
                if seq1[i - 1] == seq2[j - 1]:
                    reward_score = score_matrix[i - 1][j - 1] + int(
                        int(match_score))
                score_matrix[i][j] = max(int(del_score), int(ins_score), int(sub_score),
int(reward_score))
                continue
            score_matrix[i][j] = max(int(del_score), int(ins_score), int(sub_score))

aln1 = ""
aln2 = ""
i = len(score_matrix) - 1
j = len(score_matrix[0]) - 1
i_path = []
j_path = []
while i >= 0 and j >= 0:
    if i == 0 and j == 0:
        i_path.append(i)
        j_path.append(j)
        break
    del_score = score_matrix[i - 1][j]
    ins_score = score_matrix[i][j - 1]
    sub_or_reward_score = score_matrix[i - 1][j - 1]
    maximum_score = max(del_score, ins_score, sub_or_reward_score)
    if maximum_score == sub_or_reward_score:

```

```

aln1 = seq1[i - 1] + aln1
aln2 = seq2[j - 1] + aln2
i_path.append(i)
j_path.append(j)
i = i - 1
j = j - 1
else:
    if maximum_score == del_score:
        aln2 = "-" + aln2
        aln1 = seq1[i - 1] + aln1
        i_path.append(i)
        j_path.append(j)
        i = i - 1
    else:
        aln2 = seq2[j - 1] + aln2
        aln1 = "-" + aln1
        i_path.append(i)
        j_path.append(j)
        j = j - 1

```

W powyższych funkcjach modyfikacje algorytmów nie wpływają na złożoności. Są one takie same jak w poprzednich przypadkach.

3.

Porównanie przykładowych par sekwencji ewolucyjnie powiązanych i niepowiązanych

Porównanie par sekwencji ewolucyjnie powiązanych

Porównywane będą sekwencje aminokwasów, które wchodzą w skład białek.

Porównane będą lipazy występujące u człowieka – Pancreatic lipase-related protein 2 (PNLIPRP2) oraz Pancreatic lipase-related protein 3 (PNLIPRP3)

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_005387.3

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_001011709.2

```

# 1: MLPPWTLGLLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDCKPWAGTLQRPVKLLPWSPEDIDTRFLLYTNENPNNFQLITGTEPDITIEASNFQDRKTRFII
# 2: MLGIWIVAFLLFFGTSRGKEVCYERLGCCKDGLPWTRTFSTELVGLPWSPEKINTRFLLYTIHNPAYQEISAVNSSTIQASYFGTDKITRINI
# Mode: distance
# Match: -
# Mismatch: 1
# Gap: 1
# Score: 245
# Length: 475
# Identity: 230/475 (48.421052631578945%)
# Gaps: 14/475 (2.9473684210526314%)
MLPPWTLGLLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDCKPWAGT-LQRPVKLLPWSPEDIDTRFLLYTNENPNNFQLITGTEPDITIEASNFQDRKTRFIIHGFL
||xx|xxxx|xxx|x| || || ||xx| ||x|xx|xx|xxxx|x|x| || || ||xx| ||xx|x|xxxx|x|x|x|xx|xx|xx|x|xx
MLGIWIVAFLLFFGTSRGKEVCYERLGCCKDGLPWTRTFSTELVGL-PWSPEKINTRFLLYTIHNPAYQEISAVNSSTIQASYFGTDKITRINIAG--

```

```
# 1: MLPPWTLGLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDKWPAGTLQRPVKLLPWSPEDIDTRFLLYTNENPNNFQITGTEPDTIEAS
# 2: MLGIWIVAFLFFGTSRGKEVCYERLGCFKDGLPWTRTFSTELVGLPWSPEKINTRFLLYTIHNPAYQEISAVNSSTIQAS
# Mode: similarity
# Match: 1
# Mismatch: 0
# Gap: -1
# Score: 252
# Length: 473
# Identity: 221/473 (46.723044397463006%)
# Gaps: 10/473 (2.1141649048625792%)
MLPPWTLGLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDKWPAGTLQRPV-KLLPWSPEDIDTRFLLYTNENPNNFQITGTEPDTIEASNFQ
||xx|xxxx|xxx|x| |||||xx|||x|xx|xx|xxxxxxx|x| ||||x|x| |||||xx|||xx|x|xxxxxx|x| |x|x|
MLGIWIVAFLFFGTSRGKEVCYERLGCFKDGLPWTRTFSTELVGL-PWSPEKINTRFLLYTIHNPAYQEISAVNSSTIQASYFGT
```

#	-	M	L	G	I	W	I	V	A	F	L	F	F	G	T	S	R	G	K	E	V	C	Y	E	R	L	G	C	F	K	D	G	L	P
-	0*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33
M	1	0*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
L	2	1	0*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31
P	3	2	1	1*	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31
P	4	3	2	2	2*	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31
W	5	4	3	3	3	2*	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
T	6	5	4	4	4	3	3*	4	5	6	7	8	9	10	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
L	7	6	5	5	5	4	4	4*	5	6	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	20	21	22	23	24	25	26	27	28
G	8	7	6	5	6	5	5	5	5*	6	7	7	8	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	20	21	22	23	24	25	26	27
L	9	8	7	6	6	6	6	6	6*	6	7	8	9	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
L	10	9	8	7	7	7	7	7	7	6*	7	8	9	10	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
L	11	10	9	8	8	8	8	8	8	7	7*	8	9	10	11	11	12	13	14	15	16	17	18	19	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
L	12	11	10	9	9	9	9	9	9	8	8*	9	10	11	12	12	13	14	15	16	17	18	19	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
A	13	12	11	10	10	10	10	10	9	10	9	9	9	9*	10	11	12	13	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
T	14	13	12	11	11	11	11	11	10	10	10	10	10	10	9*	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
V	15	14	13	12	12	12	12	11	11	11	11	11	11	11	10	10*	11	12	13	14	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
R	16	15	14	13	13	13	13	12	12	12	12	12	12	12	11	11	10*	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
G	17	16	15	14	14	14	14	13	13	13	13	13	13	13	12	12	11	10*	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
K	18	17	16	15	15	15	15	14	14	14	14	14	14	14	13	13	13	12	11	10*	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
E	19	18	17	16	16	16	16	15	15	15	15	15	15	15	14	14	14	13	12	11	10*	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
V	20	19	18	17	17	17	17	16	16	16	16	16	16	16	15	15	15	14	13	12	11	10*	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
C	21	20	19	18	18	18	18	17	17	17	17	17	17	17	16	16	16	15	14	13	12	11	10*	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21

Tablica wyników wraz ze ścieżką dla trybu odległości

#	-	M	L	G	I	W	I	V	A	F	L	F	F	G	T	S	R	G	K	E	V	C	Y	E	R	L	G	C	F	K	D	G	L	P	W	T	R	T	F	S																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																	
-	0*	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7	-8	-9	-10	-11	-12	-13	-14	-15	-16	-17	-18	-19	-20	-21	-22	-23	-24	-25	-26	-27	-28	-29	-30	-31	-32	-33	-34	-35	-36	-37	-38	-39	-40	-41	-42	-43	-44	-45	-46	-47	-48	-49	-50	-51	-52	-53	-54	-55	-56	-57	-58	-59	-60	-61	-62	-63	-64	-65	-66	-67	-68	-69	-70	-71	-72	-73	-74	-75	-76	-77	-78	-79	-80	-81	-82	-83	-84	-85	-86	-87	-88	-89	-90	-91	-92	-93	-94	-95	-96	-97	-98	-99	-100	-101	-102	-103	-104	-105	-106	-107	-108	-109	-110	-111	-112	-113	-114	-115	-116	-117	-118	-119	-120	-121	-122	-123	-124	-125	-126	-127	-128	-129	-130	-131	-132	-133	-134	-135	-136	-137	-138	-139	-140	-141	-142	-143	-144	-145	-146	-147	-148	-149	-150	-151	-152	-153	-154	-155	-156	-157	-158	-159	-160	-161	-162	-163	-164	-165	-166	-167	-168	-169	-170	-171	-172	-173	-174	-175	-176	-177	-178	-179	-180	-181	-182	-183	-184	-185	-186	-187	-188	-189	-190	-191	-192	-193	-194	-195	-196	-197	-198	-199	-200	-201	-202	-203	-204	-205	-206	-207	-208	-209	-210	-211	-212	-213	-214	-215	-216	-217	-218	-219	-220	-221	-222	-223	-224	-225	-226	-227	-228	-229	-230	-231	-232	-233	-234	-235	-236	-237	-238	-239	-240	-241	-242	-243	-244	-245	-246	-247	-248	-249	-250	-251	-252	-253	-254	-255	-256	-257	-258	-259	-260	-261	-262	-263	-264	-265	-266	-267	-268	-269	-270	-271	-272	-273	-274	-275	-276	-277	-278	-279	-280	-281	-282	-283	-284	-285	-286	-287	-288	-289	-290	-291	-292	-293	-294	-295	-296	-297	-298	-299	-300	-301	-302	-303	-304	-305	-306	-307	-308	-309	-310	-311	-312	-313	-314	-315	-316	-317	-318	-319	-320	-321	-322	-323	-324	-325	-326	-327	-328	-329	-330	-331	-332	-333	-334	-335	-336	-337	-338	-339	-340	-341	-342	-343	-344	-345	-346	-347	-348	-349	-350	-351	-352	-353	-354	-355	-356	-357	-358	-359	-360	-361	-362	-363	-364	-365	-366	-367	-368	-369	-370	-371	-372	-373	-374	-375	-376	-377	-378	-379	-380	-381	-382	-383	-384	-385	-386	-387	-388	-389	-390	-391	-392	-393	-394	-395	-396	-397	-398	-399	-400	-401	-402	-403	-404	-405	-406	-407	-408	-409	-410	-411	-412	-413	-414	-415	-416	-417	-418	-419	-420	-421	-422	-423	-424	-425	-426	-427	-428	-429	-430	-431	-432	-433	-434	-435	-436	-437	-438	-439	-440	-441	-442	-443	-444	-445	-446	-447	-448	-449	-450	-451	-452	-453	-454	-455	-456	-457	-458	-459	-460	-461	-462	-463	-464	-465	-466	-467	-468	-469	-470	-471	-472	-473	-474	-475	-476	-477	-478	-479	-480	-481	-482	-483	-484	-485	-486	-487	-488	-489	-490	-491	-492	-493	-494	-495	-496	-497	-498	-499	-500	-501	-502	-503	-504	-505	-506	-507	-508	-509	-510	-511	-512	-513	-514	-515	-516	-517	-518	-519	-520	-521	-522	-523	-524	-525	-526	-527	-528	-529	-530	-531	-532	-533	-534	-535	-536	-537	-538	-539	-540	-541	-542	-543	-544	-545	-546	-547	-548	-549	-550	-551	-552	-553	-554	-555	-556	-557	-558	-559	-560	-561	-562	-563	-564	-565	-566	-567	-568	-569	-570	-571	-572	-573	-574	-575	-576	-577	-578	-579	-580	-581	-582	-583	-584	-585	-586	-587	-588	-589	-590	-591	-592	-593	-594	-595	-596	-597	-598	-599	-600	-601	-602	-603	-604	-605	-606	-607	-608	-609	-610	-611	-612	-613	-614	-615	-616	-617	-618	-619	-620	-621	-622	-623	-624	-625	-626	-627	-628	-629	-630	-631	-632	-633	-634	-635	-636	-637	-638	-639	-640	-641	-642	-643	-644	-645	-646	-647	-648	-649	-650	-651	-652	-653	-654	-655	-656	-657	-658	-659	-660	-661	-662	-663	-664	-665	-666	-667	-668	-669	-670	-671	-672	-673	-674	-675	-676	-677	-678	-679	-680	-681	-682	-683	-684	-685	-686	-687	-688	-689	-690	-691	-692	-693	-694	-695	-696	-697	-698	-699	-700	-701	-702	-703	-704	-705	-706	-707	-708	-709	-710	-711	-712	-713	-714	-715	-716	-717	-718	-719	-720	-721	-722	-723	-724	-725	-726	-727	-728	-729	-730	-731	-732	-733	-734	-735	-736	-737	-738	-739	-740	-741	-742	-743	-744	-745	-746	-747	-748	-749	-750	-751	-752	-753	-754	-755	-756	-757	-758	-759	-760	-761	-762	-763	-764	-765	-766	-767	-768	-769	-770	-771	-772	-773	-774	-775	-776	-777	-778	-779	-780	-781	-782	-783	-784	-785	-786	-787	-788	-789	-790	-791	-792	-793	-794	-795	-796	-797	-798	-799	-800	-801	-802	-803	-804	-805	-806	-807	-808	-809	-810	-811	-812	-813	-814	-815	-816	-817	-818	-819	-820	-821	-822	-823	-824	-825	-826	-827	-828	-829	-830	-831	-832	-833	-834	-835	-836	-837	-838	-839	-840	-841	-842	-843	-844	-845	-846	-847	-848	-849	-850	-851	-852	-853	-854	-855	-856	-857	-858	-859	-860	-861	-862	-863	-864	-865	-866	-867	-868	-869	-870	-871	-872	-873	-874	-875	-876	-877	-878	-879	-880	-881	-882	-883	-884	-885	-886	-887	-888	-889	-890	-891	-892	-893	-894	-895	-896	-897	-898	-899	-900	-901	-902	-903	-904	-905	-906	-907	-908	-909	-910	-911	-912	-913	-914	-915	-916	-917	-918	-919	-920	-921	-922	-923	-924	-925	-926	-927	-928	-929	-930	-931	-932	-933	-934	-935	-936	-937	-938	-939	-940	-941	-942	-943	-944	-945	-946	-947	-948	-949	-950	-951	-952	-953	-954	-955	-956	-957	-958	-959	-960	-961	-962	-963	-964	-965	-966	-967	-968	-969	-970	-971	-972	-973	-974	-975	-976	-977	-978	-979	-980	-981	-982	-983	-984	-985	-986	-987	-988	-989	-990	-991	-992	-993	-994	-995	-996	-997	-998	-999	-1000
M	-1	1*	0	-1	-2	-3	-4	-5	-6	-7	-8	-9	-10	-11	-12	-13	-14	-15	-16	-17	-18	-19	-20	-21	-22	-23	-24	-25	-26	-27	-28	-29	-30	-31	-32	-33	-34	-35	-36	-37	-38	-39	-40	-41	-42	-43	-44	-45	-46	-47	-48	-49	-50	-51	-52	-53	-54	-55	-56	-57	-58	-59	-60	-61	-62	-63	-64	-65	-66	-67	-68	-69	-70	-71	-72	-73	-74	-75	-76	-77	-78	-79	-80	-81	-82	-83	-84	-85	-86	-87	-88	-89	-90	-91	-92	-93	-94	-95	-96	-97	-98	-99	-100	-101	-102	-103	-104	-105	-106	-107	-108	-109	-110	-111	-112	-113	-114	-115	-116	-117	-118	-119	-120	-121	-122	-123	-124	-125	-126	-127	-128	-129	-130	-131	-132	-133	-134	-135	-136	-137	-138	-139	-140	-141	-142	-143	-144	-145	-146	-147	-148	-149	-150	-151	-152	-153	-154	-155	-156	-157	-158	-159	-160	-161	-162	-163	-164	-165	-166	-167	-168	-169	-170	-171	-172	-173	-174	-175	-176	-177	-178	-179	-180	-181	-182	-183	-184	-185	-186	-187	-188	-189	-190	-191	-192	-193	-194	-195	-196	-197	-198	-199	-200	-201	-202	-203	-204	-205	-206	-207	-208	-209	-210	-211	-212	-213	-214	-215	-216	-217	-218	-219	-220	-221	-222	-223	-224	-225	-226	-227	-228	-229	-230	-231	-232	-233	-234	-235	-236	-237	-238	-239	-240	-241	-242	-243	-244	-245	-246	-247	-248	-249	-250	-251	-252	-253	-254	-255	-256	-257	-258	-259	-260	-261	-262	-263	-264	-265	-266	-267	-268	-269	-270	-271	-272	-273	-274	-275	-276	-277	-278	-279	-280	-281	-282	-283	-284	-285	-286	-287	-288	-289	-290	-291	-292	-293	-294	-295	-296	-297	-298	-299	-300	-301	-302	-303	-304	-305	-306	-307	-308	-309	-310	-311	-312	-313	-314	-315	-316	-317	-318	-319	-320	-321	-322	-323	-324	-325	-326	-327	-328	-329	-330	-331	-332	-333	-334	-335	-336	-337	-338	-339	-340	-341	-342	-343	-344	-345	-346	-347	-348	-349	-350	-351	-352	-353	-354	-355	-356	-357	-358	-359	-360	-361	-362	-363	-364	-365	-366	-367	-368	-369	-370	-371	-372	-373	-374	-375	-376	-377	-378	-379	-380	-381	-382	-383	-384	-385	-386	-387	-388	-389	-390	-391	-392	-393	-394	-395	-396	-397	-398	-399	-400	-401	-402	-403	-404	-405	-406	-407	-408	-409	-410	-411	-412	-413	-414	-415	-416	-417	-418	-419	-420	-421	-422	-423	-424	-425	-426	-427	-428	-429	-430	-431	-432	-433	-434	-435	-436	-437	-438	-439	-440	-441	-442	-443	-444	-445	-446	-447	-448	-449	-450	-451	-452	-453	-454	-455	-456	-457	-458	-459	-460	-461	-462	-463	-464	-465	-466	-467	-468	-469	-470	-471	-472	-473	-474	-475	-476	-477	-478	-479	-480	-481	-482	-483	-484	-485	-486	-487	-488	-489	-490	-491	-492	-493	-494	-495	-496	-497	-498	-499	-500	-501	-502	-503	-504	-505	-506	-507	-508	-509	-510	-511	-512	-513	-514	-515	-516	-517	-518	-519	-520	-521	-522	-523	-524	-525	-526	-527	-528	-529	-530	-531	-532	-533	-534	-535	-536	-537	-538	-539	-540	-541	-542	-543																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																							

Tablica wyników wraz ze ścieżką dla trybu podobieństwa

Identyczność w obu trybach prezentuje się w okolicach 50%.

Porównanie par sekwencji ewolucyjnie niepowiązanych

Porównywane będą sekwencje aminokwasów, które wchodzą w skład białek, które są ewolucyjnie niepowiązane. Porównane będą lipazy występujące u człowieka – Lipoprotein lipase (LPL) oraz Pancreatic lipase-related protein 2 (PNLIPRP3) i Lipoprotein lipase (LPL) oraz Pancreatic lipase-related protein 3 (PNLIPRP3)

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_000228.1

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_001011709.2

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_005387.3

```
# 1: MESKALLVLTALAWLQSLTASRGGVAAADORRDFIDIESKFALRTPEDTAEDTCHLT
# 2: MLPPWTLGLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDKPPWAGTLQRPVKLLPWSPEDIDTRFL
# Mode: distance
# Match: -
# Mismatch: 1
# Gap: 1
# Score: 352
# Length: 504
# Identity: 152/504 (30.158730158730158%)
# Gaps: 64/504 (12.698412698412698%)
MESKALLVLTAL-A-V-----WLQSLTAS-RGGVAAADQR-----RDFIDIESKFALRTPEDTAEDTCHLT
|xxxxx|x|x|x|x|xxxxxxx|xxxx|xxxxx|xxx| |xxxxxxxxxxx| |xxx|x|x|x|
MLPPWTLGLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDKPPWAGTLQRPVKLLPWSPEDIDTRFLLYTNE
```

Wyniki dla LPL i PNLIPRP2 ze ścieżką dla trybu odległości

```
# - MLPPWTLGLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDKPPWAGTLQRPVKLLPWSPEDIDTRFL
- 0* 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
M 1 0* 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
E 2 1 1* 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
S 3 2 2 2* 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 18 19 20 21 22 23 24 25 26 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
K 4 3 3 3 3* 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 27 28 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
A 5 4 4 4 4 4* 5 6 7 8 9 10 11 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 28 29 29 30 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
L 6 5 4 5 5 5 5* 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 22 23 24 25 26 27 28 29 30 30 31 31 32 32 33 34 35 36 37 38 39
L 7 6 5 5 6 6 6 5* 6 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 31 32 32 32 33 34 35 36 37 38 39
V 8 7 6 6 6 7 7 6 6* 7 7 8 9 10 11 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 33 33 34 35 36 37 38 39
L 9 8 7 7 7 7 8 7 7 6* 7 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 34 35 36 37 38 39
T 10 9 8 8 8 8 7 8 8 7 7* 8 8 9 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 31 32 33 34 35 36 37 38 39
L 11 10 9 9 9 9 8 7 8 8 7 7* 8* 9 10 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 31 32 33 34 35 36 37 38 39
A 12 11 10 10 10 10 9 8 8 8 8 8 8* 9* 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 20 21 22 23 24 25 26 27 28 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
V 13 12 11 11 11 11 10 9 9 9 9 9 9 9 9* 10* 11* 12* 13* 14* 15* 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
W 14 13 12 12 12 11 11 10 10 10 10 10 10 10 10 10 11 12 13 14 15 16* 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
L 15 14 13 13 13 12 12 11 11 10 10 10 10 11 11 11 11 12 13 14 15 16 17* 18 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
Q 16 15 14 14 14 13 13 12 12 11 11 11 11 11 11 12 12 12 12 12 13 14 15 16 17 17* 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
S 17 16 15 15 15 14 14 13 13 12 12 12 12 12 12 13 13 13 13 13 14 15 16 17 18 18* 19 20 21 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
L 18 17 16 16 16 15 15 14 14 13 12 12 12 13 13 13 14 14 14 14 14 15 16 17 18 18 19* 20 21 22 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
T 19 18 17 17 17 16 15 15 15 14 13 13 13 13 13 14 14 15 15 15 15 16 17 18 19 19 20* 21 22 23 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
A 20 19 18 18 18 17 16 16 16 15 14 14 14 14 14 15 15 16 16 16 16 17 18 19 20 20 21* 22 23 24 24 25 26 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
S 21 20 19 19 19 18 17 17 17 16 15 15 15 14 14 14 15 15 16 16 17 17 17 17 18 19 20 21 21* 22* 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
R 22 21 20 20 20 19 18 18 18 17 16 16 16 15 15 15 15 16 17 17 18 18 18 18 18 19 20 21 22 22 22 23* 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
G 23 22 21 21 21 20 19 19 18 18 17 17 17 16 16 16 16 15 16 17 18 19 19 18 19 19 20 21 22 23 23 24* 25 26 27 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
G 24 23 22 22 22 21 20 20 19 19 18 18 18 17 17 17 17 16 16 17 18 19 20 19 19 20 21 22 23 24 24 25* 26 27 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
V 25 24 23 23 23 22 21 21 20 20 19 19 18 18 17 18 17 17 17 17 18 19 20 20 20 20 21 22 23 24 25 25 26* 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
A 26 25 24 24 24 23 22 22 21 21 20 20 20 19 19 18 18 18 18 18 18 19 20 21 21 21 21 21 22 23 24 25 26 26 26* 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
A 27 26 25 25 25 24 23 23 22 22 21 21 21 20 20 19 19 19 19 19 19 20 21 22 22 22 22 22 23 24 25 26 27 26 27* 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
A 28 27 26 26 26 25 24 24 23 23 22 22 22 21 21 20 20 20 20 20 20 20 21 22 23 23 23 23 23 24 25 26 27 27 27* 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
D 29 28 27 27 27 26 25 25 24 24 23 23 23 22 22 21 21 21 21 21 21 21 21 21 21 21 21 22 23 24 24 24 24 25 26 27 28 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
Q 30 29 28 28 28 27 26 26 25 25 24 24 24 23 23 22 22 22 22 22 22 22 22 22 22 22 21 22 23 24 25 25 24 24 25 26 27 28 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
R 31 30 29 29 29 28 27 27 26 26 25 25 25 24 24 23 22 23 23 23 23 23 23 23 23 23 22 22 23 24 25 26 25 25 25 26 27 28 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39
```

Wyniki dla LPL i PNLIPRP2 ze ścieżką dla trybu odległości

```
# 1: MESKALLVLTAVWLOSLTASRGGVAAADORRDFIDIESKFALRTPEDTAEDTCHLIPGVAESVAT
# 2: MLPPWTLGLLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDKEKPWAGTLQRPVKLLPWSPEDIDTRFLLYTNENPNN
# Mode: similarity
# Match: 1
# Mismatch: 0
# Gap: -1
# Score: 379
# Length: 495
# Identity: 116/495 (23.4343434343436%)
# Gaps: 46/495 (9.2929292929292%)
MESKALLVLTAVWLOSL-----TAS-RGGVAAADQ-RRDFIDIESKFALRTPEDT--AEDTCHL--IP
|xxxxx|x|x|xxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxx|xxx|xxxxxxx|xxxxx|xxxxxxxx|xxxxxxx|x
MLPPWTLGLLLLLATVRGKEVCYQGLGCFSDKEKPWAGTLQRPVKLLPWSPEDIDTRFLLYTNENPNNFOLIT
```

Wyniki dla LPL i PNLIPRP2 ze ścieżką dla trybu podobieństwa

```
# - M L P P W T L G L L L L A T V R G K E V C Y G Q L G C F S D E K P W A G T L Q R P V K L L
- 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23 -24 -25
M -1 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23 -24
E -2 0 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
S -3 -1 0 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
K -4 -2 -1 0 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
A -5 -3 -2 -1 0 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
L -6 -4 -2 -2 -1 0 1* 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
L -7 -5 -3 -2 -2 -1 0 2* 1 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
V -8 -6 -4 -3 -2 -2 -1 1 2* 1 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
L -9 -7 -5 -4 -3 -2 -2 0 1 3* 2 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
T -10 -8 -6 -5 -4 -3 -1 -1 0 2 3* 2 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
L -11 -9 -7 -6 -5 -4 -2 0 -1 1 3 4* 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
A -12 -10 -8 -7 -6 -5 -3 -1 0 0 2 3 4* 4* 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
V -13 -11 -9 -8 -7 -6 -4 -2 -1 0 1 2 3 4 4* 4* 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
W -14 -12 -10 -9 -8 -6 -5 -3 -2 -1 0 1 2 3 4 4 4* 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
L -15 -13 -11 -10 -9 -7 -6 -4 -3 -1 0 1 2 2 3 4 4 4* 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
Q -16 -14 -12 -11 -10 -8 -7 -5 -4 -2 -1 0 1 2 2 3 4 4 4* 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
S -17 -15 -13 -12 -11 -9 -8 -6 -5 -3 -2 -1 0 1 2 2 3 4 4 4* 3 2 1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
L -18 -16 -14 -13 -12 -10 -9 -7 -6 -4 -2 -1 0 0 1 2 2 3 4 4 4* 3* 2* 1* 0* 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
T -19 -17 -15 -14 -13 -11 -9 -8 -7 -5 -3 -2 -1 0 1 1 2 2 3 4 4 4 3 2 1 0 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
A -20 -18 -16 -15 -14 -12 -10 -9 -8 -6 -4 -3 -2 0 0 1 1 2 2 3 4 4 4 3 2 1 0 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
S -21 -19 -17 -16 -15 -13 -11 -10 -9 -7 -5 -4 -3 -1 0 0 1 1 2 2 3 4 4 4 3 2 1 0 0* 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
R -22 -20 -18 -17 -16 -14 -12 -11 -10 -8 -6 -5 -4 -2 -1 0 1 1 1 2 2 3 4 4 4 3 2 1 0 0 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
G -23 -21 -19 -18 -17 -15 -13 -12 -10 -9 -7 -6 -5 -3 -2 -1 0 2 1 1 2 2 3 5 4 4 4 3 2 1 0 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
G -24 -22 -20 -19 -18 -16 -14 -13 -11 -10 -8 -7 -6 -4 -3 -2 -1 1 2 1 1 2 2 4 5 4 5 4 3 2 1 0 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
V -25 -23 -21 -20 -19 -17 -15 -14 -12 -11 -9 -8 -7 -5 -4 -2 -2 0 1 2 2 1 2 3 4 5 4 5 4 3 2 1 0 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
```

Wyniki dla LPL i PNLIPRP2 ze ścieżką dla trybu podobieństwa

```
# 1: MESKALLVLTAWLQSLTASRGGVAAADQRRDFIDIESKFALRTPEDTAEDTCHLIPGVAESV
# 2: MLGIWIVAFLLFGTSGKEVCYERLGCCKDGLPWTRTFSTELVGLPWSPEKINTRFLLYTIHNP
# Mode: distance
# Match: -
# Mismatch: 1
# Gap: 1
# Score: 352
# Length: 508
# Identity: 156/508 (30.708661417322837%)
# Gaps: 74/508 (14.566929133858267%)
MESKALLVLTAWLQSLTASRG-GV--AAADQRRDFIDIESKF--AL-RTP---E--DT--AEDTCHL
|xxx|xxxx|xx|xxx|x||xx|xxxxxxxx|xxxxxx|xxx|xxx|xxx|xxx|xxx|x|x
M---LGIWIVA-FLFFGT-SRGKEVCYERLGCCKDGLPWTRTFSTELVGLPWSPEKINTRFLLYTIHN
```

Wyniki dla LPL i PNLIPRP3 ze ścieżką dla trybu odległości

#	-	M	L	G	I	W	I	V	A	F	L	F	F	G	T	S	R	G	K	E	V	C	Y	E	R	L	G	C	F	K	D	G	L	P	W	T	R	T	F	S	T	E	L	V	G	L	P																																																											
-	0*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100					
M	1	0*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100				
E	2	1*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100			
S	3	2*	2	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100			
K	4	3*	3	3	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	14	15	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100		
A	5	4*	4	4	4	4	5	6	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100		
L	6	5	4*	5	5	5	5	6	7	7	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	
L	7	6	5	5*	6	6	6	6	7	8	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	21	22	23	24	25	26	27	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
V	8	7	6	6	6*	7	7	6	7	8	8	8	9	10	11	12	13	14	15	16	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
L	9	8	7	7	7*	8	7	7	8	8	9	9	10	11	12	13	14	15	16	17	17	18	19	20	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	
T	10	9	8	8	8	8*	8	8	8	9	9	10	10	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	
L	11	10	9	9	9	9	9*	9	9	8	9	10	11	11	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	20	21	22	23	24	25	26	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
A	12	11	10	10	10	10	10	10	9*	10	9	9	10	11	12	12	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
V	13	12	11	11	11	11	11	10	10*	10	10	10	10	11	12	13	13	13	14	15	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
W	14	13	12	12	12	11	12	11	11	11*	11	11	11	11	12	13	14	14	14	15	16	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75																									


```
# 1: MESKALLVLTAVWLQSLTASRGGVAAADQRRDFIDIESKFALRTPEDTAEDTCHLIPGVAESVATCHFNHSSKTFMVIHW
# 2: MLGIWIVAFLLFGTSRGKEVCYERLGCCKDGLPWTRTFSTELVGLPWSPEKINTRFLLYTIHNPAYQEISAVNSSTIQASY
# Mode: similarity
# Match: 1
# Mismatch: 0
# Gap: -1
# Score: 381
# Length: 494
# Identity: 113/494 (22.874493927125506%)
# Gaps: 46/494 (9.31174089068826%)
MESKALLVL-TLAVWLQSLTASR-GGVAAADQRRDFIDIESKFALRTP-EDT--AEDT--CHLIPGVAES-V-ATCHFNHSSKTFMV
|xxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxx
MLGIWIVAFLLFGTSRGKEVCYERLGCCKDGLPWTRTFSTELVGLPWSPEKINTRFLLYTIHNPAYQEISAVNSSTIQASYFGTDK
```











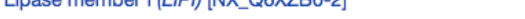
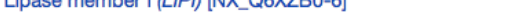
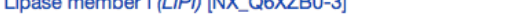
Wyniki dla LPL i PNLIPRP3 ze ścieżką dla trybu podobieństwa

```
# - M L G I W I V A F L F F G T S R G K E V C Y E R L G C F K D G L P W T R T F S T E L V G L P W S P E K I
- 0* -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23 -24 -25 -26 -27 -28
M -1 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23 -24 -25 -26 -27
E -2 0 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23 -24 -25 -
S -3 -1 0 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23 -24 -2
K -4 -2 -1 0 1* 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -23
A -5 -3 -2 -1 0 1* 0 -1 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21 -22 -
L -6 -4 -2 -2 -1 0 1* 0 -1 -1 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -21
L -7 -5 -3 -2 -2 -1 0 1* 0 -1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20 -
V -8 -6 -4 -3 -2 -2 -1 1 1* 0 -1 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -19 -20
L -9 -7 -5 -4 -3 -2 -2 0 1 1* 1* 0 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -8 -9 -10 -11 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18 -
T -10 -8 -6 -5 -4 -3 -2 -1 0 1 1 1* 0 0 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -17 -18
L -11 -9 -7 -6 -5 -4 -3 -2 -1 0 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -16 -
A -12 -10 -8 -7 -6 -5 -4 -3 -1 -1 1 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -15 -
V -13 -11 -9 -8 -7 -6 -5 -3 -2 -1 0 1 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -15 -15
W -14 -12 -10 -9 -8 -6 -6 -4 -3 -2 -1 0 1 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13 -14 -14
L -15 -13 -11 -10 -9 -7 -6 -5 -4 -3 -1 -1 0 1 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -2 -3 -4 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12 -13
Q -16 -14 -12 -11 -10 -8 -7 -6 -5 -4 -2 -1 -1 0 1 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -2 -3 -4 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -12
S -17 -15 -13 -12 -11 -9 -8 -7 -6 -5 -3 -2 -1 -1 0 2 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -2 -3 -4 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 -11 -
L -18 -16 -14 -13 -12 -10 -9 -8 -7 -6 -4 -3 -2 -1 -1 1 2 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -7 -8 -9 -1
T -19 -17 -15 -14 -13 -11 -10 -9 -8 -7 -5 -4 -3 -2 0 0 1 2 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -7 -8 -8
A -20 -18 -16 -15 -14 -12 -11 -10 -8 -8 -6 -5 -4 -3 -1 0 0 1 2 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -7 -8
S -21 -19 -17 -16 -15 -13 -12 -11 -9 -8 -7 -6 -5 -4 -2 0 0 0 1 2 2 1 1* 0 0 0 -1 -2 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -7
R -22 -20 -18 -17 -16 -14 -13 -12 -10 -9 -8 -7 -6 -5 -3 -1 1 0 0 1 2 2 1 1* 1* 0 0 -1 -2 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -
G -23 -21 -19 -17 -17 -15 -14 -13 -11 -10 -9 -8 -7 -5 -4 -2 0 2 1 0 1 2 2 1 1 1* 1 0 -1 -2 -1 -1 -2 -3 -4 -5
G -24 -22 -20 -18 -17 -16 -15 -14 -12 -11 -10 -9 -8 -6 -5 -3 -1 1 2 1 0 1 2 2 1 1 2* 1 0 -1 -2 0 -1 -2 -3 -4
V -25 -23 -21 -19 -18 -17 -16 -14 -13 -12 -11 -10 -9 -7 -6 -4 -2 0 1 2 2 1 1 2 2 1 1 2* 1 0 -1 -1 0 -1 -2 -3
A -26 -24 -22 -20 -19 -18 -17 -15 -13 -12 -11 -10 -8 -7 -5 -3 -1 0 1 2 2 1 1 2 2 1 1 2* 1 0 -1 -1 0 -1 -
A -27 -25 -23 -21 -20 -19 -18 -16 -14 -13 -13 -12 -11 -9 -8 -6 -4 -2 -1 0 1 2 2 1 1 2 2 1 1 2* 1 0 -1 -1 0 -
A -28 -26 -24 -22 -21 -20 -19 -17 -15 -14 -13 -13 -12 -10 -9 -7 -5 -3 -2 -1 0 1 2 2 1 1 2 2 1 1 2* 1 0 -1 -1
D -29 -27 -25 -23 -22 -21 -20 -18 -16 -15 -14 -13 -13 -11 -10 -8 -6 -4 -3 -2 -1 0 1 2 2 1 1 2 2 1 2 2* 1 0 -
Q -30 -28 -26 -24 -23 -22 -21 -19 -17 -16 -15 -14 -13 -12 -11 -9 -7 -5 -4 -3 -2 -1 0 1 2 2 1 1 2 2 1 2 2* 1
R -31 -29 -27 -25 -24 -23 -22 -20 -18 -17 -16 -15 -14 -13 -12 -10 -8 -6 -5 -4 -3 -2 -1 0 2 2 2 1 1 2 2 1 2 2
```

Wyniki dla LPL i PNLIPRP3 ze ścieżką dla trybu podobieństwa

Identyczność prezentuje się na poziomie 20-30 %, dla obu trybów występują widoczne różnice w tej statystyce. Być może jest to powód tego, że algorytm Needlemana-Wunscha nie radzi sobie w przypadku gdy w białku występują tylko jedna z domen, która ma wspólnego przodka. Ponadto różnice w trybie można zaobserwować w przypadku procentu przerw.

Lipase Sequence Homology in Different Human Tissues

Query hit (click to show/hide alignment)	Target hit	Target len	Identity	Tot. score	E-value
Lipoprotein lipase (<i>LPL</i>) [NX_P06858-1]		475aa	100%	2570	0.0e+00
Endothelial lipase (<i>LIPG</i>) [NX_Q9Y5X9-1]		500aa	45%	1158	1.4e-126
Hepatic triacylglycerol lipase (<i>LIPC</i>) [NX_P11150-1]		499aa	43%	1037	1.5e-112
Endothelial lipase (<i>LIPG</i>) [NX_Q9Y5X9-2]		354aa	34%	935	1.1e-100
Pancreatic triacylglycerol lipase (<i>PNLIP</i>) [NX_P16233-1]		465aa	27%	503	1.2e-50
Inactive pancreatic lipase-related protein 1 (<i>PNLIPRP1</i>) [NX_P54315-1]		467aa	27%	497	6.4e-50
Pancreatic lipase-related protein 2 (<i>PNLIPRP2</i>) [NX_P54317-1]		469aa	25%	459	2.0e-45
Pancreatic lipase-related protein 3 (<i>PNLIPRP3</i>) [NX_Q17RR3-1]		467aa	24%	430	4.4e-42
Lipase member H (<i>LIPH</i>) [NX_Q8WWY8-1]		451aa	22%	423	2.9e-41
Lipase member I (<i>LIP1</i>) [NX_Q6XZB0-1]		460aa	21%	412	5.7e-40
Lipase member I (<i>LIP1</i>) [NX_Q6XZB0-2]		481aa	21%	411	6.3e-40
Lipase member I (<i>LIP1</i>) [NX_Q6XZB0-6]		375aa	22%	408	1.4e-39
Lipase member I (<i>LIP1</i>) [NX_Q6XZB0-3]		454aa	20%	405	3.1e-39

Źródło:

https://en.wikipedia.org/wiki/Molecular_evolution#/media/File:Lipase_Sequence_Homology.png

Przeprowadzona analiza wygląda jakby została przeprowadzona poprawnie – procent identyczności jest zbliżony do tego, który został przedstawiony powyżej.