

(سوال ۶)

در هر مرحله کمین

نامنفعاً حذف می‌کنم که در

مرحله بعد تأثیرم از آن استواره

نمی‌شود.

	A	B	C	D	E	F	G
A							
B	5						
C	9	10					
D	9	10	8				
E	8	7	7	3			
F	7	4	10	9	6		
G	12	11	6	5	4	9	

	A	B	C	D/E	F	G
A	-	-	-	-	-	-
B	5	-	-	-	-	-
C	9	10	-	-	-	-
D/E	8.5	8.5	7.5	-	-	-
F	7	4	10	7.5	-	-
G	12	11	6	4.5	9	-

مینمین صابر E را با هدایت از زنگنه لیوی دارم

حساب می‌کنم. ملا بران نمی‌توان ناصله D/E با A

$$\frac{DA + EA}{2} = \frac{9+8}{2} = 8.5$$

[D
E]

	A	B/F	C	D/E	G
A	-	-	-	-	-
B/F	6	-	-	-	-
C	9	10	-	-	-
D/E	8.5	8	7.5	-	-
G	12	10	6	4.5	-

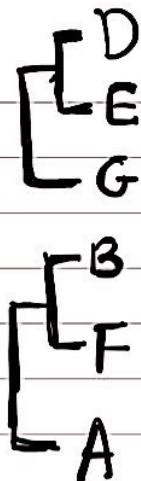
[D
E]

[B
F]

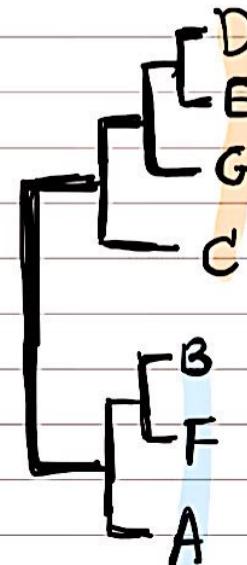
	A	B/F	C	D/E/G
A	-	-	-	-
B/F	6	-	-	-
C	9	10	-	-
D/E/G	10.25	9	6.75	-

[D
E
G]
[B
F]

	B/F/A	C	D/E/G
B/F/A	-	-	-
C	$\frac{10+9}{2} = 9.5$	-	-
D/E/G	$\frac{10.25+9}{2} = 9.625$	6.75	-



	B/F/A	D/E/G/C
B/F/A	-	-
D/E/G/C	$\frac{9.625 + 9.500}{2}$	-



سؤال ۱)

- الف: هنگامی که تکرارها به دلیل ساخت زید در مولز، در فرایند موتابه با اینها هم پوسته نباشند، یا جایلرین یکدیگر معرفند. ← ساخت زید
۲. آن‌طور که طول این تکرارها بیشتر از طول فلاش باشد، امکان آصال صحیح سازی این عوایض ممکن نیست. ← طول زیاد تکرارها
۳. تکنیک‌هایی مثل Read Sequencing و Hi-C، راستگاه را برای تکرارها می‌سازند.
- یا Optical Mapping مجرب به کاهش این عوایض مرسود.

ب: در این روش، انتها درست یک مطعم توالی یابی می‌شود. (یعنی مطعمات DNA به طول مخصوص برخی داره می‌شوند، یعنی از انتهای مطعمه فعلیه معرفند، پس توالی‌های از انتهای ریلند همان مطعم ایکام معرفند. این کار بعثت می‌شود هر دو فلاش، اطلاعات بیشتر درباره مربعیت مطعم و ارتباط آن با سایر چیزها بدارد) مزیت این روش این است که از تکرارها در چنین تکراری قدر بیشتر، بفت (Pair) آن که از تکرار خارج است، معرفی شده مربعیت دقیق را تعیین کند. یعنی استثنای ما این است که بین جفت‌ها، خاصیت پیمانم، تا تکرارها ای اطلاعات را بعثت نمایس کیم. (Mate-Pair Sequencing)

این مقدار با این روش و آصال صحیح مطعمات، بقت موتابه را در چنین لایپسیج رنوم بینهایت معرفت می‌شود.

سؤال ۵

همانطور که از اسناد پیدا است، به دنبال درخته است Maximum Likelihood که سنتین احتمال را برای مساهده را داشت (برای مدل نظری) بود. یک نزع جهنم (mutation) را داره مرسد و برای هر درخت احتمال متفاوت را داشت. ممکن است در نهایت درخت مغایب محسوب شود تا محتمل ترین آنها بیلزینه سود.

از پیشی احتمال مساهده شده (Prior) استفاده می‌کنند Bayesian inference تا توزیع احتمالات درخت غیرمنته را محاسبه کنند. مثلاً ابتداً یک عرض در صورت درختهای بین مرسد (معمولآً مرفق Uniform). پس احتمال را برای هر درخت محاسبه مرسد، و لازم است بین امثال پسین (Posterior) هر درخت محاسبه مرسد:

$$P(T|D) \propto P(D|T) \times P(T)$$

از فاصله‌های دوستی بین توالی‌ها، Neighbor joining درخت را بدست می‌دارد. یک متریک فاصله معقولاً داره مرسد (یا با فاصله Kimura بسته باشد). ترکیبین توالی‌ها به یکدیگر را پیدا کنند، و ترتیب می‌کنند و متریک را ایجاد می‌کنند. تعجب طبعی که متریک تولید درخت نیز به صورت یک hierarchy تا بالا ادامه دارد...

اسم شخص	NJ	ML	BI
سوت	سریع	کند	خطیر کند
دقت	متوسط	زیاد	ضیلر زیاد
	مملکه‌ای بسیار نمی‌کند	بسیار نمی‌کند	کاملاً نمی‌کند
	مملکه‌ای بسیار بسیار نمی‌کند	مملکه‌ای نمی‌کند	کاملاً نمی‌کند
	محدودیت سایز دارد	متوجه تابزند	کمپکت تابزند

* عیب NJ این است که با عرض نظمه مدلین را داشت درخت را فرموده و در نهایت درست نیست و دست را کاهش می‌دهد.

* در نقطه مقابل، BI این عدم قطعیت را بستر مدل می‌کند

و ریاضیات تد ب مسئله پاسخ مرده.

* محاسبت ننگین ML هم که بینها به لیل ساختن نامه درفت که میان، بالا است.

حقیق خلاصه ای که در صفحه بالا ارائه شده، با توجه به مایندگاهها، و دست که از مسئله برداشته مطروح است، صحت از هر دوام استفاده کرد ...

مداخل اصله حتم باری ساعتها،

سوال ۴) الف:

(۱) نهاده ساختارها: پروتئین ها با استفاده از ماتریس های خاصه، توصیف می شوند

(۲) پیدا کردن پترن های local مطابق: یک تطبیق اولیه به اساس ساخته های عملی بین عناصر

ساختارها صورت می دهد (مثل β -sheet یا α -helix)

(۳) هم باری سراسری (global): استفاده از برخی الگوریتم ها برای تطبیق تمام ساختارها (مثل روش rigid-body)

(۴) برآینه سازی امتیاز هم باری: اصلاح هم باری طبق معیارهایی مثل RMSD (ریشه میانگین مربعات فاصله ها) یا CAD-Score

ب: DALI (Distance matrix Alignment) ۱) ماتریس مقابله

را بر اساس الگوهای تماس میان تعطیلات کوچک پروتئین و استفاده از DP برای هم باری نهاده (نسبتاً معتبر پرنسپلی!)

۲) TM-Align: استفاده از ماتریس مجاورت با برآینه ساز RMSD برای مقایسه و هم باری ساختارها.

ج) حمداری ساعتاری، ممکن است از توالی است و براساس تطابق متنی نه بعدی پوشن‌ها عمل مرکزند. این روش برای پوشن‌های با ساخت ساعتاری بالا، در تفاوت زیاد در توالی، کاربردی‌تر است.

حمداری صنیع بر توالی، براساس ساختهای آینه‌ای این می‌سد و برای توالی‌های بیغیر متساوی مناسب است.

د) هرای این ادعام سازایی روابط تکاملی در پوشن‌های با اطلس و الرا و در عملکرد با حلل ساخت ساعتاری است.

از حالی‌های آن سه توان به فیاز به راههای وقت ساعتاری، هرینه محاسبات بالا و چندی تلیق راههای ساعتاری در MSA اشاره کرد.

سؤال ۲) سه‌وan با لطف در بین متن را حل کرد (ما باید رسیل زیر را بین K-mer ها ریجیستر مسنه، از تراو هم پرینز که در کلاس شروع نهاده است

استفاده می‌کنیم که در دفعه اولیه K-mer می‌باشد، آن را به صورت AAGT

در خدم AGTx وصل می‌کنیم، و پس می‌بینیم (

طبق سهل، عوایض درست:

Ⓐ AAGT → AGTA → GTAG → TAGG → AGGA →
GGAT → GATT → ATTT → TTTG →

دلیل رشته ای بینیم TTGx

AAGTAGG-GATT TG
حال این رشته را می‌سازیم:

Kmer برای طایفه مانند نیزه از ACTC باید شروع کنیم (می‌بینیم K-mer
به خدم ACTx می‌باشد):

ACTC → CTCG → TCGC → CGCA → GCAT → CATC → ATCT
→ TCTT → CTTA → TTAC → TACC → ACCA → CCAA

به خدم CAAx K-mer

پس بین مده دیگم. در این مسافت رشته اصلی، از نس لعل شروع کرده، و هر بجز از آخر نس بعد را
بگزین اضافه می‌کنیم:

ACTCGCATCTTACCAA

(μ J)ew

#	#	A	C	C	C	T	G	A	A	C	C
#	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
A	-1	1	0	1	1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
C	-1	1	1	1	1	1	0	-1	-1	-1	-1
T	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

#	#	A	C	C	C	T	G	A	A	C	C
#	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
C	-1	0	1	1	1	1	-1	-1	-1	-1	-1
T	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
T	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
T	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

#	#	A	C	C	C	T	G	A	A	C	C
#	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
G	-1	0	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
C	-1	1	1	1	1	1	1	0	-1	-1	-1
T	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
A	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

#	#	A	C	T	C	G	G	A	G	C
#	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
C	-1	0	1	1	1	1	1	0	-1	-1
T	-1	0	1	1	1	1	1	1	0	-1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
T	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
T	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

#	#	A	C	T	C	G	G	A	G	C
#	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
G	-1	0	1	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1
C	-1	1	1	1	1	1	1	0	-1	-1
T	-1	1	1	1	1	1	1	1	0	-1
A	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

#	#	C	T	G	G	A	A	T	C	T
#	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
G	-1	1	1	1	1	1	1	0	-1	-1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	0	-1
T	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
A	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
G	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
A	-1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
C	-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

حال طبق خط دوم سُبک کد را در سه میز هر یک از دسته ها خواهیم داشت :

$$\sum_{i \neq r} D(S_1, S_i) = 11 + 10 + 18 = 49$$

$$\sum_{i \neq r} D(S_r, S_i) = 11 + 14 + 12 = 47$$

max

$$\sum_{i \neq r} D(S_r, S_i) = 10 + 14 + 12 = 36$$

$$\sum_{i \neq r} D(S_r, S_i) = 12 + 14 + 12 = 48$$

: انتخاب مرئیم و ادامه الگوریتم را اخطه مرئیم : S_2 را Center Sequence حل

S_1, S_r کردن Align

S_1 : AC - CCTGAACC

S_r : ACTCGG-G-AGC

$$2+3-1+3+2-1+2-1+2+2+2+2 = 17$$

S_r : -CTGGAAATCT

S_r, S_r

S_r : ACTCGGAGC -

S_r : GCTAGGACC

S_r, S_r

S_r : ACTCGGAGC

: اصرای خط الگوریتم

S_1 : ACTCGG-G-AGC -

S_r : AC-CCTGAAACC -

S_r : -CTGG-A-ATCT

S_r : GCTAG-G-ACC -

• به دلیل مفعع سه صل و اینه در چه نیزین روزته بیش، از که تین مفسهای trace مانم، بخوبید ...