Globálny a lokálny alignment

Naimplementoval som tri funkcie, ktoré sa nachádzajú v skripte.

- NeedlemanWunsch počíta globálny alignment pre dvojicu sekvencií, tak ako bol preberaný na prednáške. Je možné mu nastaviť parametre pre pokuty. Je mu možné zadať koľko alignmentov chceme vyhľadať.
- SmithWaterman počíta lokálny alignment pre dvojicu sekvencií, tak ako bol preberaný na prednáške. Je možné mu nastaviť parametre pre pokuty. Tiež mu je možné zadať koľko alignmentov chceme vyhľadať.
- NWAffine počíta globálny alignment pre dvojicu sekvencií, tak ako bol preberaný na prednáške. Je možné mu nastaviť parametre pre pokuty. V tomto prípade vyhľadá najviac 3 globálne alignmenty (kvôli tomu že na pozícii [n,m] v matici sú 3 bunky, z ktorých môžeme začať).

Pomocou týchto algoritmov som spočítal ten daný alignment pre sekvencie H,I,J. Pomocou NWAffine som navyše spočítal globálny alignment pre

- Homo sapiens insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
- Rattus norvegicus insulin 1 (Ins1), mRNA,
- Mus musculus insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA.

Všetky alignmenty sa nachádzajú v súboroch, kde sú prehľadne spísane (obrázok 1).



Obrázok 1 : Ukážkový súbor s alignmentov. Hlavička so skóre a následne porovnanie dvoch sekvencií (zhoda |, nezhoda ., ...)

Viaceré alignmenty sú oddelené prerušovanou čiarou.

Normálne Alignmenty som kontroloval pomocou neobio, či dávajú rovnaké skóre. Na alignmenty s afínnym skórovaním s vlastným nastavením parametrov som nenašiel žiadny vhodný program.

	Н	1	J
Н	1999	<mark>-214</mark>	<mark>-206</mark>
1	<mark>1292</mark>	2000	1020
J	<mark>727</mark>	<mark>1042</mark>	2000

Zelená = lokálny alignment pomocou SmitWaterman-a

Červená = globálny alignment pomocou NeedlemanWunsch-a

Alignment HomoSapiens vs Rattus = 215, HomoSapiens vs Musculus = 229, Rattus vs Musculus = 352