

Biyoinformatiğe Giriş Proje 2

Mahire Zühal Özdemir

19360859015

Adım 1: pairwise modülü import etme

Biopython 1.81 versiyonunda pairwise2 modülü kaldırılmıştır. Onun yerine PairwiseAligner modülü kullanılacaktır.

```
from Bio.Align import PairwiseAligner
aligner = PairwiseAligner()
```

Adım 2: Sekans oluşturma ve global alignment

Sekans oluşturmak için Bio kütüphanesinin Seq modülü kullanılır.

Format alignment fonksiyonu kaldırıldığı için doğrudan alignment elemanları print edilir.

```
from Bio.Align import PairwiseAligner
aligner = PairwiseAligner()
from Bio.Seq import Seq
seq1 = Seq('ACCGT') #seq bu şekilde tanımlar
seq2 = Seq('ACG')
#Biopython 1.81'de aligner modu seq tanımlarken seçilmez
#aligner.mode = 'global'
#Biopython 1.81 versiyonunda Pairwise aligner kullanılır
alignments = aligner.align(seq1, seq2)
for aln in alignments:
    print('Alignment score:', aln.score)
    print(aln)
#format alignment kaldırılmıştır.
```

```
#format alignment kaldırılmıştır.
print(aln)
print('Alignment score:', aln.score)
```

```
C:\Users\zuhal\Desktop\pythonProject\venv\Scripts\python.exe
Alignment score: 3.0
target          0 ACCGT 5
                  0 ||-|- 5
query           0 AC-G- 3

Alignment score: 3.0
target          0 ACCGT 5
                  0 |-||- 5
query           0 A-CG- 3
```

Adım 3: Sekans oluşturma ve local alignment. Alignment modu aligner.mode ile local ya da global olarak değiştirilir.

```
from Bio.Align import PairwiseAligner
aligner = PairwiseAligner()

from Bio.Seq import Seq
#local alignment yapmak için aligner.mode değeri local olarak değiştirilir
aligner.mode = 'local'

seq1 = Seq('ACCGT')
seq2 = Seq('ACG')

alignments = aligner.align(seq1, seq2)

for aln in alignments:
    print('Alignment score:', aln.score)
    print(aln)
```

```
C:\Users\zuhal\Desktop\pythonProject\venv\Scripts\python.exe
Alignment score: 3.0
target          0 ACCG 4
                0 ||-| 4
query           0 AC-G 3

Alignment score: 3.0
target          0 ACCG 4
                0 |-|| 4
query           0 A-CG 3
```

Adım 4: Ceza değerleri belirleme ve global alignment.

PairwiseAligner.match_score ile eşleşme skoru, mismatch_score ile ceza puanı seçilir.

```
aligner.mode = 'global'
aligner.match_score = 2 #her match için 2 puan eklenir
aligner.mismatch_score = -1 #her mismatch için 1 puan eksiltir
seq1 = Seq('ACCGT')
seq2 = Seq('ACG')
alignments = aligner.align(seq1, seq2)
for aln in alignments:
    print('Alignment score:', aln.score)
    print(aln)
```

```
blat(9fu)
```

```
blat('ACCGT', 'ACG', 2, -1)
```

```
C:\Users\zuhal\Desktop\pythonProject\venv\Scripts\python.exe
```

```
Alignment score: 6.0
```

```
target      0 ACCGT 5
```

```
0 ||-|- 5
```

```
query       0 AC-G- 3
```

```
Alignment score: 6.0
```

```
target      0 ACCGT 5
```

```
0 |-||- 5
```

```
query       0 A-CG- 3
```

Adım 5: Ceza değerleri belirleme ve global alignment

```

aligner.mode = 'global'
aligner.match_score = 2 #match için 2 puan
aligner.mismatch_score = -1 #mismatch için -1 puan
aligner.open_gap_score = -0.5 #açık boşluk cezası -0.5
aligner.extend_gap_score = -0.1 #uzatma boşluğu cezası -0.1
seq1 = Seq('ACCGT')
seq2 = Seq('ACG')
alignments = aligner.align(seq1, seq2)
for aln in alignments:
    print('Alignment score:', aln.score)
    print(aln)

```

```

bilgi(aln)
bilgi('Alignment score:', aln.score)
lol aln tu bilgileri:

```

```

C:\Users\zuhal\Desktop\pythonProject\venv\Scripts\python.exe
Alignment score: 5.0
target      0 ACCGT 5
            0 ||- 5
query       0 A-CG- 3

Alignment score: 5.0
target      0 ACCGT 5
            0 ||- 5
query       0 AC-G- 3

```

Adım 6: Ceza değerleri belirleme ve global alignment

```

aligner.mode = 'global'
aligner.match_score = 5 #her match için 2 puan
aligner.mismatch_score = -4 #her mismatch için 1 puan eksiltir
aligner.open_gap_score = -1 #açık boşluk cezası, yeni bir boşluğun oluşturulması için cezadır
aligner.extend_gap_score = -0.1 #uzatma boşluğu cezası ise mevcut bir boşluğu uzatmak için cezadır
seq1 = 'A'
seq2 = 'T'
alignments = aligner.align(seq1, seq2)
for aln in alignments:
    print('Alignment score:', aln.score)
    print(aln)

```

```

bilgi(aln)
bilgi('Alignment score:', aln.score)
lol aln tu bilgileri:

```

```

C:\Users\zuhal\Desktop\pythonProject\venv\Scripts\python.exe
Alignment score: -2.0
target      0 -A 1
            0 -- 2
query       0 T- 1

Alignment score: -2.0
target      0 A- 1
            0 -- 2
query       0 -T 1

```

Adım 7: Ceza değerleri belirleme ve global alignment

```

aligner.mode = 'global'
aligner.match_score = 5 #her match için 5 puan
aligner.mismatch_score = -4 #her mismatch için -4 puan
aligner.open_gap_score = -3 #açık boşluk cezası için -3
aligner.extend_gap_score = -0.1 #uzatma boşluğu cezası için -0.1
seq1 = 'A'
seq2 = 'T'
alignments = aligner.align(seq1, seq2)
for aln in alignments:
    print('Alignment score:', aln.score)
    print(aln)

```

```

bilgi(aligner)
bilgi('Alignment score:', 'aligner.score')
bilgi(aligner)

```

```

C:\Users\zuhal\Desktop\pythonProject\venv\Scripts\python.exe
Alignment score: -4.0
target      0 A 1
            0 . 1
query       0 T 1

```

Adım 8: Blosum modülü

Blosum62; benzerliği belirlemek için kullanılan puanlama matrisidir. BLOcks SUBstitution Matrix matris oluşturma yönteminin ismini almıştır. Yeni versiyonla birlikte Align modülü içinde çağrılır.

```

from Bio.Align import substitution_matrices
matrix = substitution_matrices.load("BLOSUM62")
aligner.mode = 'global'
aligner.substitution_matrix=matrix
seq1 = 'KEVLA'
seq2 = 'EVL'

alignments = aligner.align(seq1, seq2)
alignment = alignments[0]
for aln in alignments:
    print('Alignment score:', aln.score)
    print(aln)

```

```

print(aln)
print('Alignment score:', aln.score)
for aln in alignments:

```

```

C:\Users\zuhal\Desktop\pythonProject\venv\Scripts\python.exe
Alignment score: 13.0
target          0 KEVLA 5
                  0 -||| - 5
query           0 -EVL- 3

```

!!!Biopython 1.81 versiyonu ile birlikte globalmc fonksiyonu kaldırılmıştır.