

## Примечание

В ходе выполнения домашнего задания я использовала следующие алгоритмы:

### 1. Water (Smith-Waterman Algorithm):

*Тип выравнивания:* Локальное выравнивание.

*Принцип работы:* Water использует алгоритм Смита-Ватермана для поиска наиболее похожих локальных фрагментов между двумя последовательностями.

*Штрафы за пропуски:* Обычно применяются штрафы за открытие и продление пропусков.

### 2. MAFFT (Multiple Alignment using Fast Fourier Transform):

*Тип выравнивания:* Глобальное, множественное выравнивание.

*Принцип работы:* MAFFT использует алгоритм, основанный на быстром преобразовании Фурье, для выравнивания нескольких последовательностей одновременно.

*Штрафы за пропуски:* Используются штрафы за открытие и продление пропусков, как и в Water, но в меньшей степени.

### 3. MUSCLE (Multiple Sequence Comparison by Log-Expectation):

*Тип выравнивания:* Глобальное, множественное выравнивание.

*Принцип работы:* MUSCLE основан на алгоритмах, которые используют логарифмическое ожидание для сравнения последовательностей и выполнения множественного выравнивания.

*Штрафы за пропуски:* Используются штрафы за открытие и продление пропусков, подобные Water и MAFFT, но алгоритм MUSCLE часто более гибок в настройке параметров выравнивания.

### Вывод:

На гене HTR2A в целом все алгоритмы отработали хорошо, чего нельзя сказать о гене FKBP5. Поэтому, в связи с тем, что локальное выравнивание, которое сделал Water, оказалось качественнее глобальных выравниваний

muscle и mafft, можно сделать вывод, что данные последовательности гена FKBP5 не являются близкородственными.