

T.C. İSTANBUL TİCARET ÜNİVERSİTESİ
MÜHENDİSLİK VE TASARIM FAKÜLTESİ
BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ BÖLÜMÜ

BIL458 BİYOİNFORMATİK

DNA SEKANS HİZALAMA ALGORİTMALARI
UYGULAMASI

Şeref Fatih YILMAZ

Bilgisayar Mühendisliği Programında Hazırlanan
ÖDEV RAPORU

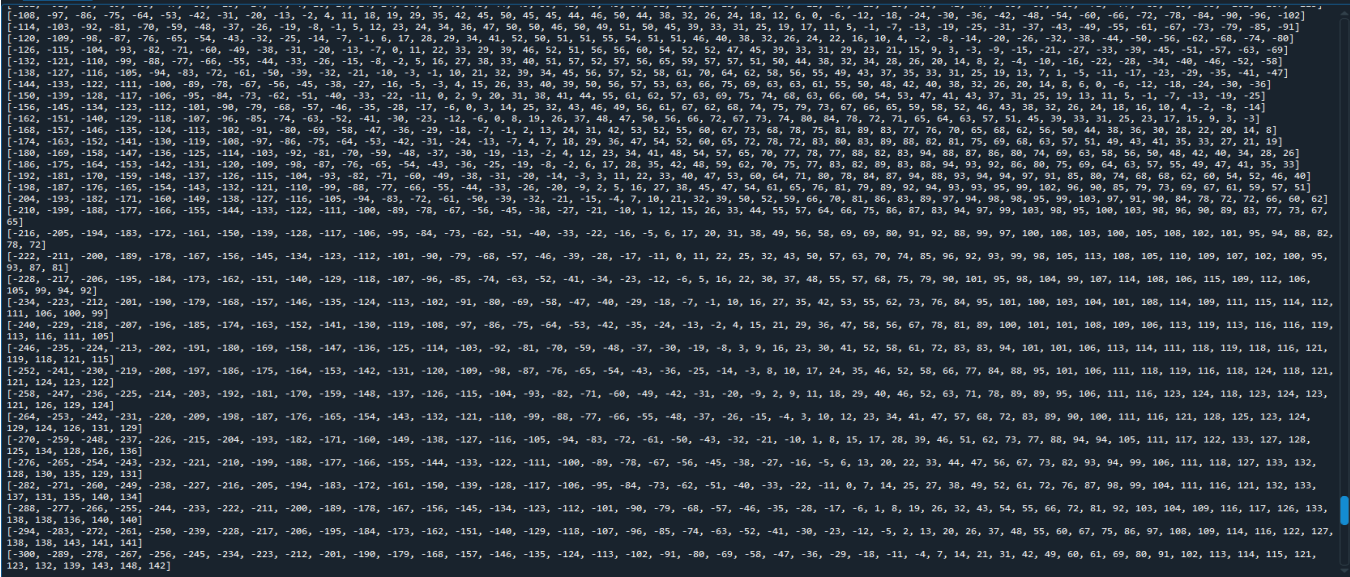
Danışman: Arzu Kakışım

İSTANBUL, 2020

Bu ödev içeriğinde en iyi global ve local alignment bulmak için 27 farklı sequence kullanıldı.Seçilen bir sequence ile 26 sequence karşılaştırıldı ve en iyi sonuçlar değerlendirildi.

Global Alignment

Bu kısımda global alignment’l bulmak için Needleman-Wunsch algoritması kullanıldı.Aşağıda gördüğünüz resimlerde aldığımız en yüksek skoru, kullanılan cost matrisi ve oluşturulan skor matrisi görütüyorsunuz.Bu skor matris oluşturulmak için her sequence karşılaştırılmasında 4 farklı cost matris kullanıldı ve toplamda 104 farklı skor elde edildi.104 farklı skor karşılaştırılarak resimdeki değerler ve output’lar elde edildi.



```
En Buyuk Deger:
-ATTAAA-G--GTTTATA-CCTTCCCAAGTAA-CAAACC-AACCAACTTCGATCT-ATTAAA-G--GTTTATA-CCTTCCCAAGTAA-CAAACC-AACCAACTTCGATCTTCTAGCTTTCAACCAACCAACAATGGACCTTCCATATTTGGAAATTA-

-ATTA--G-GGGTTTATAT-CTTCCCAAGTA-CCAACCC-ACCAACTTCGATCT-ATTA--G-GGGTTTATAT-CTTCCCAAGTA-CCAACCC-ACCAACTTCGATCTTCTAGCTTTCAACCAACCAACCAATGGACCTTCTATATTTGGGGATTA-

SCORE
468
Matris
[5, -4, -4, -4, 5, -4, -4, 5, -4, 5]
```

Koda ulaşmak istiyorsanız rar içerisindeki NeedlemanWunsch.py dosyasını açabilirsiniz ya da [linke tıklayarak](#) github adresimde görüntüleyebilirsiniz.

Local Alignment

Bu kısımda global alignment’l bulmak için Smith-Waterman algoritması kullanıldı.Aşağıda gördüğünüz resimlerde aldığımız en yüksek skor, kullanılan cost matrisi ve oluşturulan skor matrisi görütüyorsunuz.Bu skor matris oluşturulmak için her sequence karşılaştırılmasında 4 farklı cost matris kullanıldı ve toplamda 104 farklı skor elde edildi.104 farklı skor karşılaştırılarak resimdeki değerler ve output’lar elde edildi.

[illegible]

```
En Büyük Deger:
-ATTAAA-G--GTTTATA-CTTCTCCAGGTAA-CAAACC-AACCAACTTTCGATCT-ATTAAA-G--GTTTATA-CTTCTCCAGGTAA-CAAACC-AACCAACTTTCGATCTTCTAGCTTTCAACCAACCAACAATGGACCTTCCATATTTGGAAATTA-

-ATTA--G-GGGTTTATAT-CTTCCAGGTA-CCAAACCC-ACCAACTTTCGATCT-ATTA--G-GGGTTTATAT-CTTCCAGGTA-CCAAACCC-ACCAACTTTCGATCTTCTAGCTTTCAACCAACCAACAATGGACCTTCTATATTTGGGGATTA-

SCORE
468
Matris
[5, -4, -4, -4, 5, -4, -4, 5, -4, 5]
```

Koda ulaşmak istiyorsanız rar içerisindeki NeedlemanWunsch.py dosyasını açabilirsiniz ya da [linke tıklayarak](#) github adresimde görüntüleyebilirsiniz.

Değerlendirme

Verilen sequence'lar birbirlerine yakınlığından dolayı local ve global alignment skor değerleri birbirlerine benzer çıktı. Bir değişik gözlemlenemedi. Bence değişik ve rahat anlaşılır bir gözlem yapmak istiyorsak sequence'ları küçülterek kodun çıktılarını skor matrisini vs. daha iyi gözlemlenebilir eğer kod denenecek ise sequence'lar küçük tutulup birbirine benzemeyen sequence'lar kullanılarak daha iyi bir gözlem yapılabilir.