**Bioinformatyka**

**Sprawozdanie z projektu**

Zad 5. Zestawienia wielu sekwencji i profile. Typ B. Podobnie jak w przedostatnim: zademonstrować we własnym programie funkcje biblioteki służące do tworzenia i obróbki tym razem wielodopasowań i profili sekwencji.

Wybraną biblioteką do tworzenia i obróbki wielodopasowań i profili sekwencji jest BioJava.

Aby utworzyć profil sekwencji należy wywołać metodę getMultipleSequenceAlignment() podając jako parametr listę sekwencji:

Alignments.getMultipleSequenceAlignment(lst);

Metoda ta zwraca obiekt klasy SimpleProfilePair implementującej interfejs Profile. Dodatkowo można wyspecyfikować ustawienia takie jak GapPenalty, PairwiseSequenceScorerType, ProfileProfileAlignerType itp.

Interfejs Profile nie umożliwia późniejszej edycji wielodopasowania. Istnieje subinterfejs MutableProfile, natomiast w obecnej wersji biblioteki nie ma klasy go implementującej.

Jedyna sprawdzona przez nas mozliwosć edycji utworzonego wczesniej profilu to skopiowanie z niego listy dopasowanych sekwencji (profile.getAlignedSequences()) i zmienienie dowolnej sekwencji w tej kopii na nową utworzoną „manualnie” (na podstawie poprzedniej dopasowanej sekwencji i listy kroków dopasowania) przez wywołanie:

new SimpleAlignedSequence<ProteinSequence, AminoAcidCompound>(prev, steps); gdzie prev to poprzednio wygenerowana sekwencja a steps to lista kroków (AlignedSequence.Step.GAP lub AlignedSequence.Step.COMPOUND).