

الفصل الرابع المحاذاة والأشجار العرقية

محاذاة التتابع:

في حالة وجود اثنان من التتابعات يتم عمل الآتي:

- قياس درجة التشابه بينهما.
- تحديد تقابل الأجزاء.
- ملاحظة طرز التحفظ والاختلاف.
- علاقات النشوء.

:The dotplot

وهي صورة بسيطة تعطي رؤية عامة للتشابه بين اثنان من التتابعات. يتكون dotplot من جدول أو مصفوفة. تشير الصفوف إلى أجزاء أحد التتابعات بينما تدل الأعمدة على التتابع الآخر. وتظهر بقع في حالة التماثل، بينما لا توجد استجابة في حالة الاختلاف.

مصادر DOTPLOTS على الانترنت (web Resources):

يتيح برنامج E.L. Sonnhammer's Dotter للمستخدم التحكم وطرق الحساب وتغيير مظهر العرض بواسطة ضبط معايير تفاعلية والذي يجب تجهيزه في الكمبيوتر من على الموقع التالي:

<http://www.cgr.ki.se/cgr/groups/sonnhammer/Dotter.html>

يقدم الموقع التالي امكانية اجراء dotplotting تفاعلي:

<http://www.isrec.isb-sib.ch/java/dotlet/exonintron.html>


```
ATTGGTATATTTAATCAACCAACCATTTGCCCTAGGGCACTTATTACCTGAAGGTACCCCA  
ACCCCTTTAGTACCAGTACTAATCATTTATCGAAACCATCAGTTTATTTATTCGACCATTA  
GCCTTAGGAGTCCGATTAACAGCCAACCTAACAGCTGGACATCTCCTTATAACAATTAATC  
GCAACTGCGGCCTTTGTCCTTTAACTATAATACCAACCGTGGCCTTACTAACCTCCCTA  
GTCCTGTTCTATTGACTATTTAGAAGTGGCTGTAGCTATAATTCAAGCATACGTATTT  
GTCCTTCTTTAAGCTTATATCTACAAGAAAACGTATAA*
```

محازاة التتابع بواسطة Dotplots:

لا يقدم Dotplots فقط صورة شاملة لتشابه اثنان من التتابعات ولكن أيضا يعطى مجموعة متكاملة ذات جودة نسبية للمحازاة المحتملة وذلك بالمرور على الصورة من الجانب الأيسر العلوى الى الجانب الأيمن السفلى.

محازاة التتابع المتعدد : Multiple sequence alignment

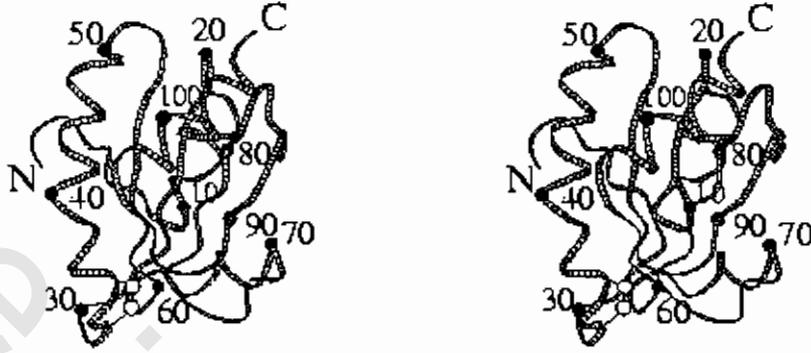
تكون نتائج الكشف عن العلاقات البعيدة بين التتابعات أكثر واقعية فى حالة تعدد التتابعات. وأيضاً تعطى أدوات التنبؤ بالتركيب نتائج أفضل عندما تعتمد على محازاة تتابعات متعددة وذلك بالمقارنة بالتتابعات المنفردة. ولذلك يجب أن تحتوى محازاة التتابع المتعدد على توزيع من التتابعات قريبة وبعيدة الصلة.

الاستدلال التركيبى بواسطة محازاة التتابع المتعدد:

يمكن التعرف على الملامح التركيبية والوظيفية بواسطة المحازاة للتتابعات المتعددة من خلال موقع الخادم التالى:

<http://www.bio.cam.ac.uk/cgi-bin/seqlogo/logo.cgi>

ومثال ذلك التعرف على الملامح التركيبية لعدد ١٦ ثيوريدوكسينات (انزيمات موجودة فى كل الخلايا وتساهم فى مدى واسع من العمليات البيولوجية):



The structure of *E. coli* thioredoxin [2TRX] contains a central five-stranded β -sheet flanked on either side by α -helices. Residue numbers correspond to those in the multiple sequence alignment table. The N- and C-termini are also marked. Spheres indicate positions of the $C\alpha$ atoms of every tenth residue. The reactive disulphide bridge between Cys32 and Cys35 appears between the numerals 30 and 60 .

Hidden Markov Models (HMMS) :

وهي نماذج تركيب حسابية لوصف طرز عائلات التتابعات المتماثلة. كما أنها تعتبر من الأدوات القوية للكشف عن القرابة البعيدة والتنبؤ بطرز طي البروتين.

مصادر على الانترنت Web Resources :

<http://cse.ucsc.edu/research/compbio/sam.html>

<http://cse.ucsc.edu/research/compbio/HMM-apps/HMM-applications.html>

<http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam>.

<http://stash.mre-lmb.cam.ac.uk/SUPERFAMILY/>

النشوء النوعي Phylogeny :

هناك العديد من الأمثلة للتطور في البروتينات والجينوم. ويهدف هذا المجال العمل على التوصل الى العلاقات بين الأنواع والعشائر والأفراد والجينات وذلك باستخدام الخصائص الجزيئية.

وتمثل الشجرة في علم الحاسبات شكلا خاصا يتكون من نقط nodes يتم توصيلها ببعض عن طريق خطوط edges. والشجرة قد تكون rooted أو unrooted. والشكل الأخير لا يظهر النسب بينما في الشكل الأول ينحدر من كل نقطة أصلان ويسمى binary tree ويستخدم برنامج PERL لرسم الشجرة كما يلي:

drawtree.pl - PERL

program to draw binary trees.

```
#!/usr/bin/perl
#drawtree.pl -- draws binary trees (root at top)
#usage: echo '(A((BC)D)(EF))' | drawtree.pl > output.ps

print <; chop($tree); $_ = reverse($tree); s/()/ //g;

$x = 0; $y = 0;
while ($nd = chop()) {
    print "$x $y m ($nd) stringwidth pop -0.5 mul 0 rm ($nd)
show\n";
    $xx($nd) = $x; $x+=20; $yy($nd) = 10;
}

while ($tree =~ s/(?([A-Z])([A-Z]))?/1/) {
    print "n $xx($1) $yy($1) m\n";
    ($yy($1) > $yy($2)) || ($yy($1) = $yy($2)); $yy($1) += 20;
    print "$xx($1) $yy($1) l $xx($2) $yy($1) l $xx($2) $yy($2) l
s\n";
    $xx($1) = 0.5*($xx($1) + $xx($2));
}print "n $xx($tree) $yy($tree) m 0 20 rl s showpage\n";

$rx = 2*$x + 30; $yt = 2*$yy($tree) + 146;
print "%BoundingBox: 40 95 $rx $yt\n";
```

مصادر على الانترنت لأدوات الوراثة العرقية :

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>