



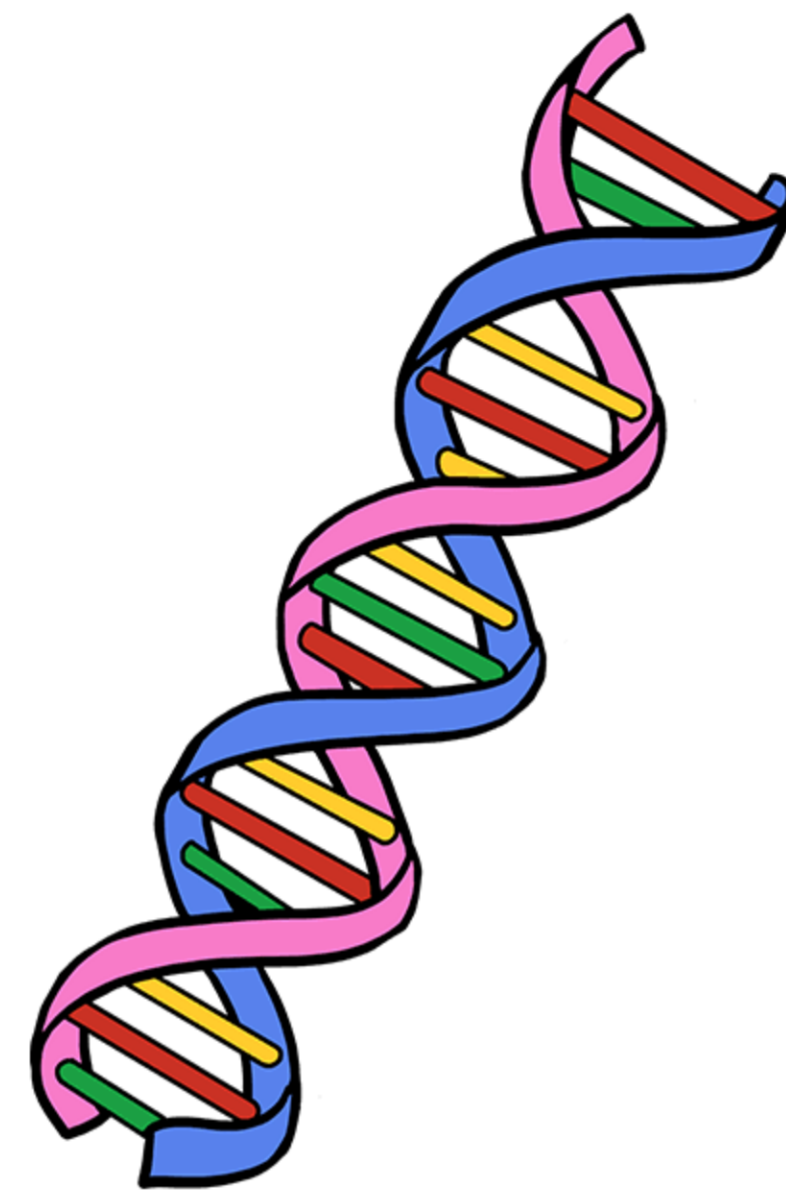
**LATVIJAS
UNIVERSITĀTE**

VAIRĀKU SEKVENČU IZLĪDZINĀŠANAS METOŽU SALĪDZINĀJUMS MAGISTRA KURSA DARBS

Autors: Valdis Gavars
Stud. apl. Nr: vg11059
Darba vadītājs: Prof. Juris Vīksna

Darba uzdevumi:

Aprakstīt praksē pieejamās vairāku sekvenču izlīdzināšanas (MSA) metodes ar atvērto kodu un pieejamām licencēm
Izpētīt MSA metožu algoritmus, lai saprastu, katras metodes unikālās īpašības
Salīdzināt MSA metodes ar reāliem un simulētiem datiem, lai pārbaudītu to veiktspēju, kvalitāti un izmantojamību dažādiem pielietojumiem



Rezultāti

Populārākās metodes - Clustal Omega, Kalign, MAFFT, MUSCLE
Metodes izmanto daudz kopīgu algoritmu, taču katrai ir sava unikāla pieeja
Algoritmi attīstās, programmatūra tiek atjaunota, jo pieprasījums un noslodze pieaug

Veiktie secinājumi pēc teorētiskās daļas izpētes:

Pieaug pieprasījums lieliem ģenētisko datu apjomiem - pieejams daudz vairāk sekvenču kā pirms tam, sekvenčēšanas pieejamības dēļ.

MSA programmatūra pastāvīgi attīstās un pielāgojās strauji pieaugošajam ģenētisko datu apjomam

Zinātniskajā literatūrā arī iepriekš veikti pētījumi ar līdzīgu mērķi - taču pārsvarā pašu programmatūru izstrādātāji vai arī novecojuši pētījumi.

Darba turpinājums:

Atrast, izpētīt un izvēlēties kritērijus metožu salīdzinājumam

Veikt praktisko salīdzinājumu ar dažādu veidu datiem - reāliem un simulētiem, lai nodrošinātu daudzpusīgu izpēti

Salīdzinājumu veikt no abu bioinformātikas nozaru skatupunkta - gan datorzinātnes, gan bioloģijas.

Veikt secinājumus, apkopot datus, izveidot viegli saprotamus grafikus, lai pētījuma rezultātus varētu saprast abu nozaru speciālisti