

Cílem této práce bylo zkoumání možností vylepšení souboru programů pro zarovnávání mnoha sekvencí PRALINE. Nejprve je prezentován přehled současných metod pro řešení problému zarovnávání více sekvencí (multiple sequence alignment) s přihlédnutím k variantám reprezentace jádra zarovnání – mezivýsledku používaných algoritmů. PRALINE byla rozšířena o zarovnávání uživatelsky zadaných profilů. Uživatelem zadaný profil je v tomto rozšíření použit v pokročilejší fázi progresivního zarovnávání, jako by se jednalo o mezivýsledek předchozích kroků. Toto rozšíření bylo otestováno v typickém případě užití.

Přidali jsme 2 nové protokoly pro zarovnávání založené na skrytých Markovových řetězcích (HMM) a otestovali kvalitu jejich výsledků. Protokol HMMGUIDE vytvoří pro každou sekvenci preprofil skládající se ze segmentů ostatních sekvencí s vysokou lokální podobností. Z preprofilu HMMER vygeneruje pro každou sekvenci HMM a PRC zjistí stupeň podobnosti mezi dvojicemi HMM. Protokol pak progresivně zarovnává sekvence, jejichž HMM byly nejpodobnější. Protokol PRCALIGN postupuje obdobně, ale pro zarovnání použije výstup z PRC, sekvence tedy zarovná podle nejlepšího zarovnání HMM. Přestože protokoly nedokončily všechny testy úspěšně, výsledky ukazují významné zlepšení oproti původní metodě.