

نرم افزار Clustalw

فصل نوزدهم از سری کتب الکترونیکی رایگان
پرتال بیوانفورماتیک ایرانیان www.ibp.ir
بایک باباعباسی

نرم افزار Clustalw

نرم افزار Clustalw که در زیر مجموعه Sequencc analyze می باشد و در قسمت Tools در سایت EBI به ادرس www.EBI.ac.uk موجود است. این نرم افزار به منظور مشخص کردن میزان شباهت و یا تفاوت دو توالی کاربرد دارد و همچنین نقاط کانزرو را نیز برای ما مشخص میکند نرم افزار دارای يك باکس می باشد که باید توالی های نوکلئیدی را با فرمت خاص در آن قرار داد که فرمت خاص آن طبق قانون زیر است

```
>seq 1 name (promo terglobin)
```

```
seqanece
```

```
> seq 2 name
```

```
sequence
```

```
.  
. .  
. .
```

توالی ها را طبق فرمت FASTA وارد باکس نرم افزار کرده و سپس با کلیک بر روی گزینه RUN نرم افزار شروع به alignment کردن توالی ها می نماید.

این نرم افزار طوری طراحی شده است که با وارد کردن آدرس Email می توان به نرم افزار دستور داد تا نتایج را به Email کاربر بفرستد و یا می توانید منتظر بمانید تا نتایج بعد از چند لحظه مشخص شود که البته با سرعت پایین اینترنت یک مقدار زمان میبرد تا نتایج مشخص شود. روش کار این نرم افزار به این گونه است که ابتدا seq1 را با seq2 و seq2 را با seq3 و در محله بعد seq1 را با seq3 و seq3 را با seq4 alignment میکند و همینطور کار را ادامه می دهد. تا نواحی کانزرو شده در تمامی sequence ها را بیابد

برای مثال در زیر می بینید که نرم افزار با چه الگوریتمی توالی ها را بررسی میکند

| Seq | Len | Scq | Lin | Score |
|-----|-----|-----|-----|-------|
| 1 | 600 | 2 | 600 | 3 |
| 1 | 600 | 3 | 600 | 4 |
| 1 | 600 | 4 | 600 | 2 |

.
.
.
.

در قسمت زیر بخش Score table نرم افزار نتایج Alignment وجود دارد.
نتایج به دو صورت رنگی و سیاه سفید به وسیله انتخاب توسط کاربر
نمایش داده می شود
لیستی که نرم افزار از Alignment می دهد از بالا به پایین از آخرین
نوکلئوتید توالی شروع میشود
و نرم افزار براساس نامی که به صورت FASTA به آن داده ایم توالی ها را
کنار یک دیگر قرار می دهد. و شباهت ها را می سنجد در نواحی ای که
شباهت به صورت کامل باشد زیر آن قسمت یک علامت ستاره می گذارد و
در قسمت رنگی با تفکیکی که نرم افزار به صورت رنگهای قرمز و سبز
انجام می دهد می تواند ما را پیدا کردن شباهت های بیشتر به صورت
چشمی یاری کند.
همچنین نرم افزار داده ها را برای ما به صورت یک Phylogram tree در
می آورد که با مطالعه بر روی این phylogram می توان به نتایج ارزشمندی
از تجزیه و تحلیل و آنالیز توالی دست یافت.
لینک مستقیم نرم افزار

<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/index.html>

امیدوارم این مطلب برای دوستان مفید واقع شود

دوست ارجمند این مطلب آموزشی به منظور آشنایی هر
چه بیشتر ایرانیان با علم بیوانفورماتیک تهیه شده
است خواهشمند است از هر گونه سو استفاده از این
مطالب بپرهیزید زیرا که این مطالب تحت حمایت
قانون کپی رایت میباشند

این مطالب به این دلیل به صورت کتابهای الکترونیکی
تهیه شده اند تا

هرکس، در هر جا ، در هر زمان و به صورت رایگان
بتواند به این مطالب دست رسی داشته باشد پس اگر
چنانچه تمایل به استفاده از این مطالب در سایت
یا وبلاگ خود را دارید این کار با ذکر منبع
بلامانع میباشد.

هیچ شخص حقیقی یا حقوقی حق ندارد تا از مطالب
کتاب الکترونیکی این پرتال به منظور چاپ و نشر
کتاب استفاده کند چاپ و نشر کتاب کاری مقدس

میباشد ولی فروش علم جزء ناشایسته ترین کارهاست
که متأسفانه برخی با استفاده از نا آشنایی مردم
با منبع سرشار اینترنت دست به چاپ کتب میزنند و
آن را به قیمت بسیار بالایی به فروش میرسانند
حرف من این است اگر عاشق علم هستید دانش خود را
به صورت رایگان در اختیار همگان قرار دهید و بهترین
راه آن توسط اینترنت میباشد.

به امید روزی که هیچ کتابی چاپ نشود و تمام مطالب
به صورت رایگان در اینترنت قابل دست رسی باشند تا
حد اقل در بخش استفاده از منابع علمی نامی از غنی
و فقیر برده نشود .

پرتال بیوانفورماتیک ایرانیان www.ibp.ir
بابک باباعباسی
MAIL:babakbabaabasi@gmail.com