Молекулярная биология

Некоторые параметры молекул ДНК и белка:

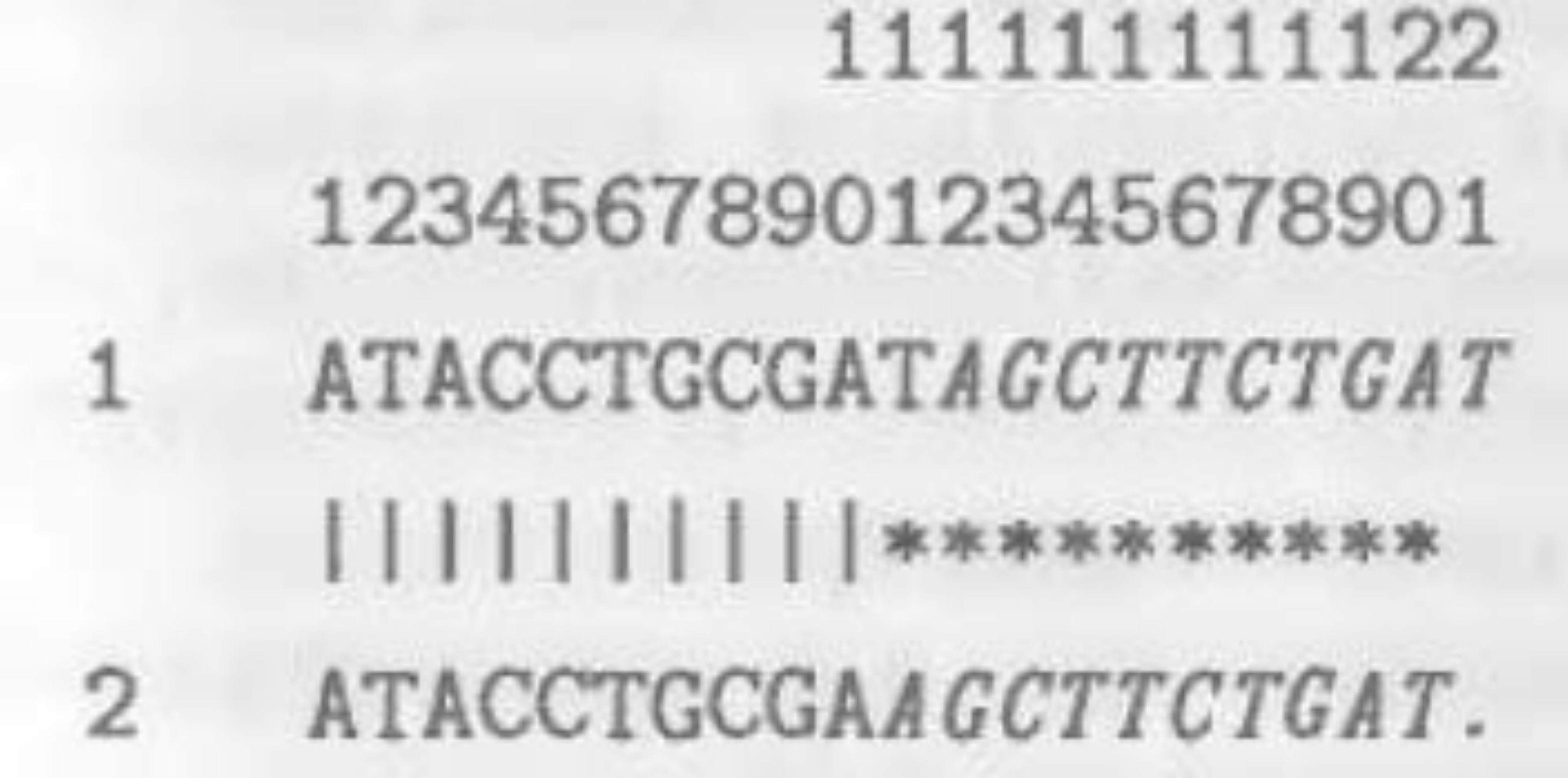
- Один шаг это полный виток спирали ДНК-поворот на 360^0
- Один шаг составляют 10 пар нуклеотидов
- Длина одного шага - 3,4 нм
- Расстояние между двумя нуклеотидами - 0,34 нм
- Молекулярная масса одного нуклеотида - 345 г/моль
- Молекулярная масса одной аминокислоты – 100 г/мол
- В молекуле ДНК: А+Г=Т+Ц (Правило Чаргаффа
- Комплементарность нуклеотидов: А=Т; Г=Ц
- Цепи ДНК удерживаются водородными связями, которые образуются между комплементарными азотистыми основаниями: аденин с тимином соединяются 2 водородными связями, а гуанин с цитозином тремя.
- В среднем один белок содержит 400 аминокислот

Выравнивание генетических последовательностей

- В эволюции генетических последовательностей происходят как замены, так и вставки и делеции. Первым этапом филогенетического анализа является идентификация вставок и делеций, имевших место в эволюционной истории анализируемой группы последовательностей. Эту процедуру называют выравниванием (to align, alignment) последовательностей.

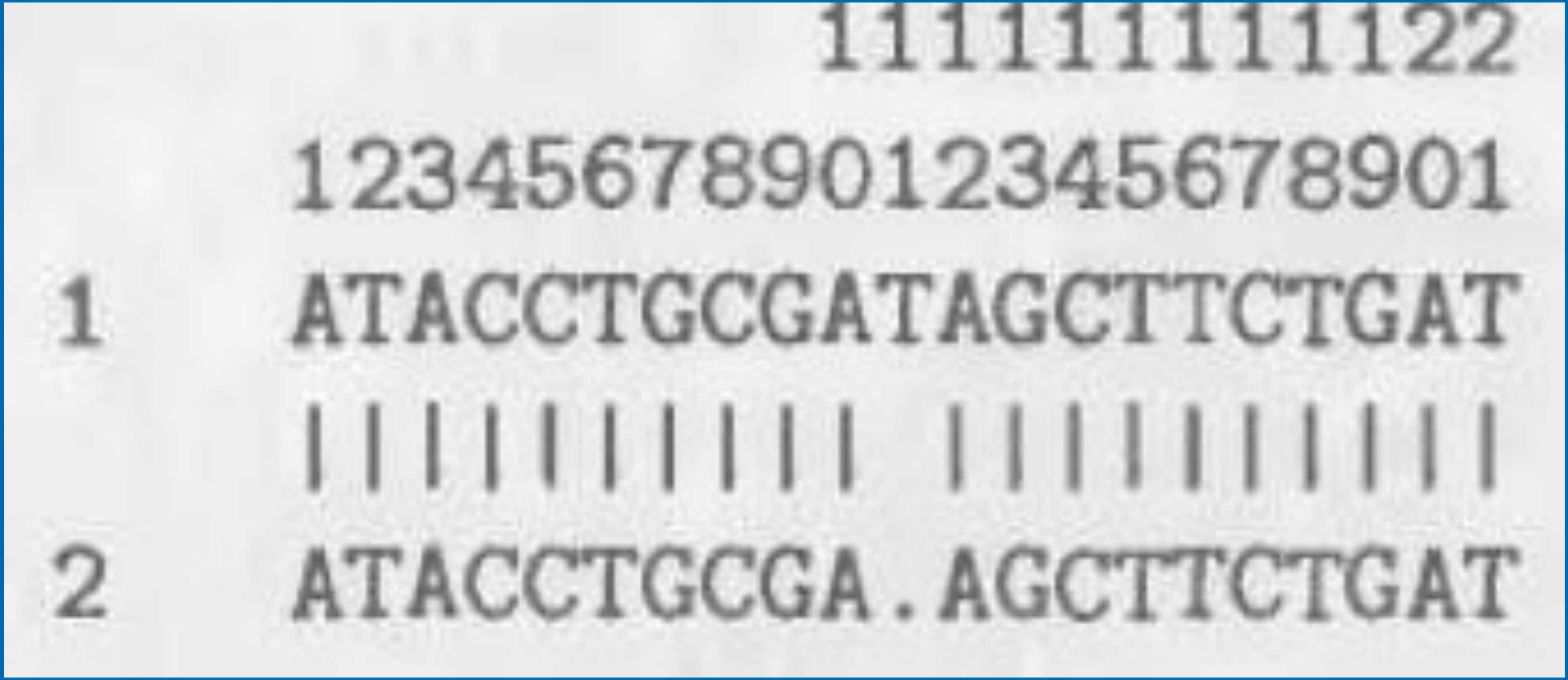
- Выравнивание последовательностей направлено на выявление гомологичных (имеющих общее эволюционное происхождение) позиций анализируемых последовательностей, установление наиболее вероятного, т.е. требующего наименьшего числа эволюционных событий, сценария эволюции анализируемой группы.

Выравнивание генетических последовательностей



```
           111111111122
  123456789012345678901
1 ATACCTGCGATAGCTTCTGAT
  ||||||||||**********
2 ATACCTGCGAAGCTTCTGAT.
```

Выравнивание генетических последовательностей



```
                  111111111122
         123456789012345678901
1        ATACCTGCGATAGCTTCTGAT
         |||||||||| ||||||||||
2        ATACCTGCGA.AGCTTCTGAT
```

Выравнивание генетических последовательностей

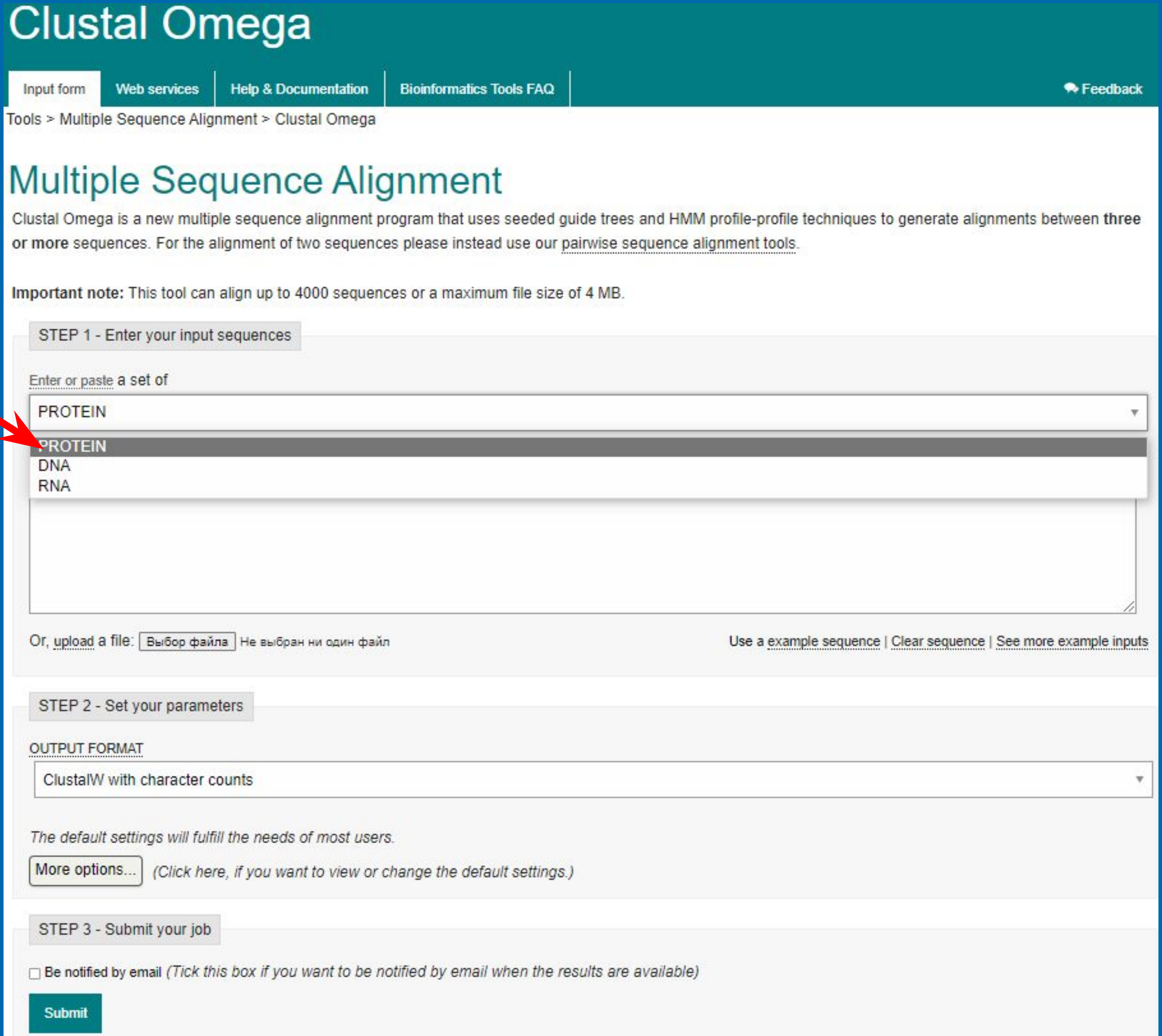
- **Clustal** -- это одна из самых широко используемых компьютерных программ для множественного выравнивания нуклеотидных и аминокислотных последовательностей (multiple sequence alignment).

- Переходим по ссылке:

- https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/

1. **Выбираем нужный тип данных (белок, ДНК или РНК)**

В нашем случае - DNA



Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between **three or more** sequences. For the alignment of two sequences please instead use our pairwise sequence alignment tools.

Important note: This tool can align up to 4000 sequences or a maximum file size of 4 MB.

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of: PROTEIN

Or, upload a file: Выбор файла Не выбран ни один файл

Use a example sequence | Clear sequence | See more example inputs

STEP 2 - Set your parameters

OUTPUT FORMAT: ClustalW with character counts

The default settings will fulfill the needs of most users.

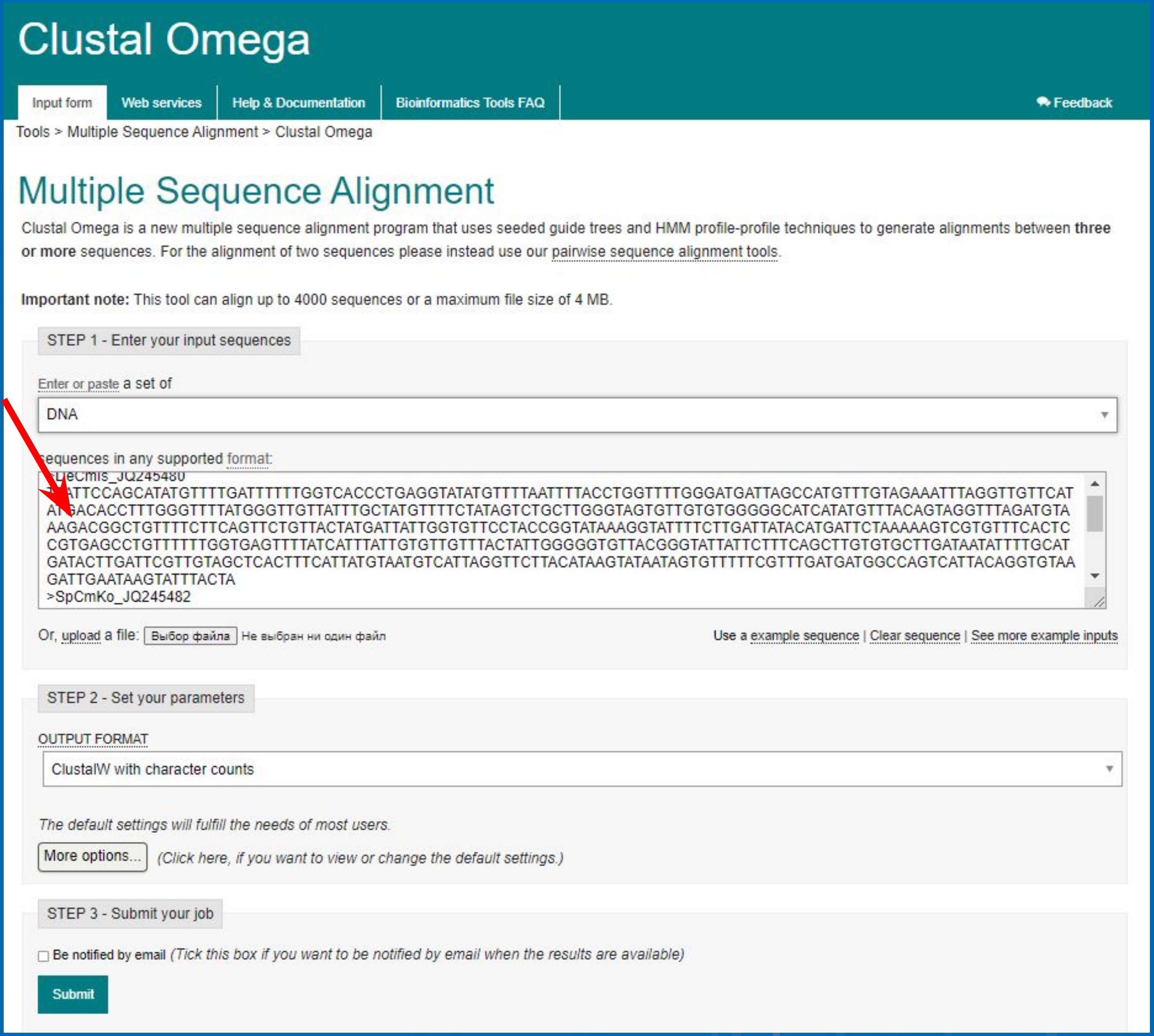
More options... *(Click here, if you want to view or change the default settings.)*

STEP 3 - Submit your job

☐ Be notified by email *(Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)*

2. Вставляем последовательности

Открываем папку Выравнивания. Открываем файл B-11.fasta программой UltraEdit-32. Копируем оттуда 2 или более понравившиеся последовательности



Clustal Omega

Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between **three or more** sequences. For the alignment of two sequences please instead use our pairwise sequence alignment tools.

Important note: This tool can align up to 4000 sequences or a maximum file size of 4 MB.

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of

DNA

sequences in any supported format:

```
>DeCmis_JQ245480
TATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCTGGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCAT
ATGACACCTTTGGGTTTTATGGGTTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTCTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGGCATCATATGTTTACAGTAGGTTTAGATGTA
AAGACGGCTGTTTTCTTCAGTTCTGTTACTATGATTATTGGTGTTCCTACCGGTATAAAGGTATTTTCTTGATTATACATGATTCTAAAAAGTCGTGTTTCACTC
CGTGAGCCTGTTTTTTGGTGAGTTTTATCATTTATTGTGTTGTTTACTATTGGGGGTGTTACGGGTATTATTCTTTCAGCTTGTGTGCTTGATAATATTTTGCAT
GATACTTGATTCGTTGTAGCTCACTTTCATTATGTAATGTCATTAGGTTCTTACATAAGTATAATAGTGTTTTTCGTTTGATGATGGCCAGTCATTACAGGTGTAA
GATTGAATAAGTATTTACTA
>SpCmKo_JQ245482
```

Or, upload a file: Выбор файла Не выбран ни один файл

Use a example sequence | Clear sequence | See more example inputs

STEP 2 - Set your parameters

OUTPUT FORMAT

ClustalW with character counts

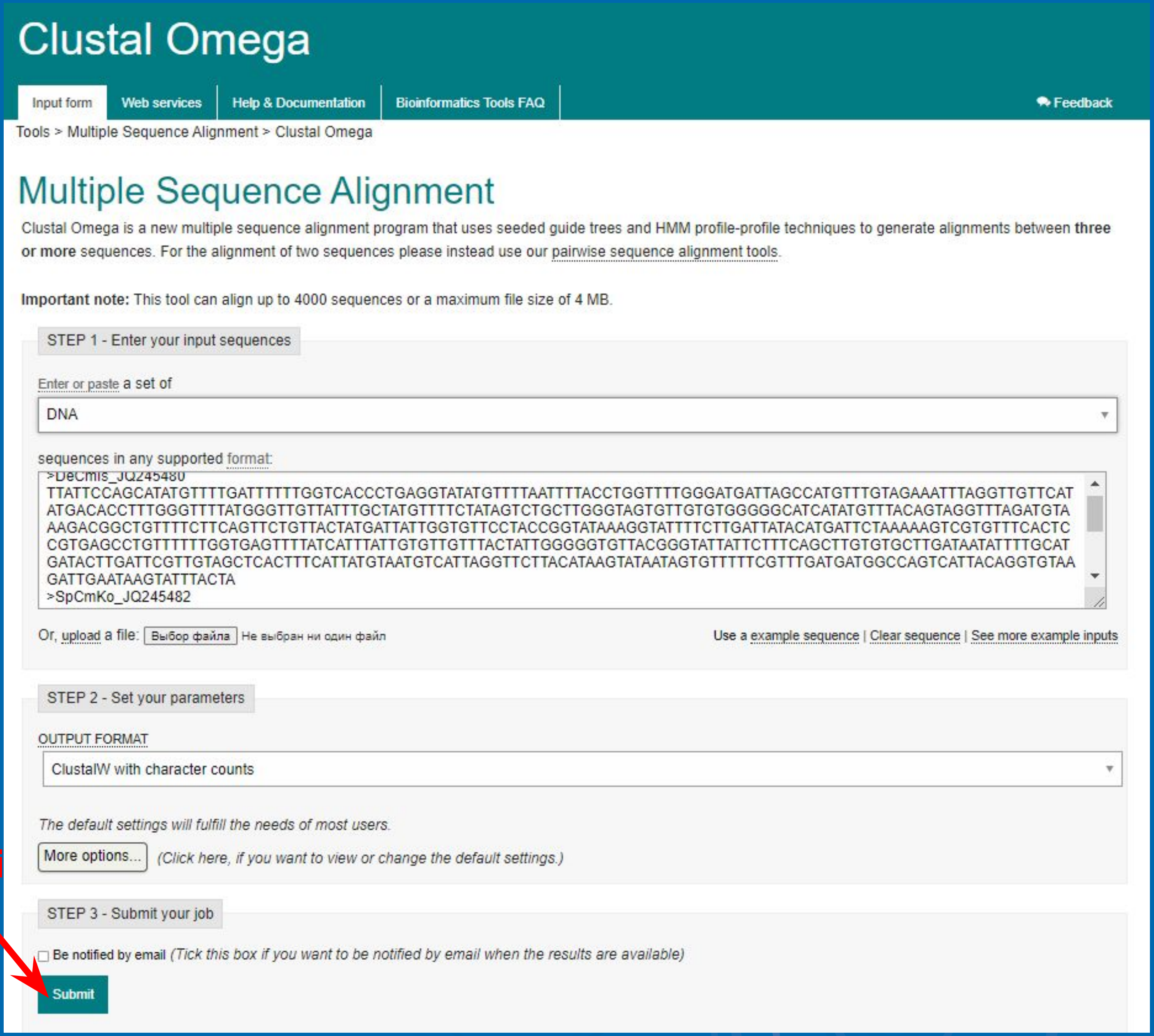
The default settings will fulfill the needs of most users.

More options... *(Click here, if you want to view or change the default settings.)*

STEP 3 - Submit your job

☐ Be notified by email *(Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)*

Submit



Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between **three or more** sequences. For the alignment of two sequences please instead use our pairwise sequence alignment tools.

Important note: This tool can align up to 4000 sequences or a maximum file size of 4 MB.

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of

DNA

sequences in any supported format:

```
>DeCmis_JQ245480
TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCTGGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCAT
ATGACACCTTTGGGTTTTATGGGTTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTCTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGGCATCATATGTTTACAGTAGGTTTAGATGTA
AAGACGGCTGTTTTCTTCAGTTCTGTTACTATGATTATTGGTGTTCCTACCGGTATAAAGGTATTTTCTTGATTATACATGATTCTAAAAAGTCGTGTTTCACTC
CGTGAGCCTGTTTTTTGGTGAGTTTTATCATTTATTGTGTTGTTTACTATTGGGGGTGTTACGGGTATTATTCTTTCAGCTTGTGTGCTTGATAATATTTTGCAT
GATACTTGATTCGTTGTAGCTCACTTTCATTATGTAATGTCATTAGGTTCTTACATAAGTATAATAGTGTTTTTCGTTTGATGATGGCCAGTCATTACAGGTGTAA
GATTGAATAAGTATTTACTA
>SpCmKo_JQ245482
```

Or, upload a file: Выбор файла Не выбран ни один файл

Use a example sequence | Clear sequence | See more example inputs

STEP 2 - Set your parameters

OUTPUT FORMAT

ClustalW with character counts

The default settings will fulfill the needs of most users.

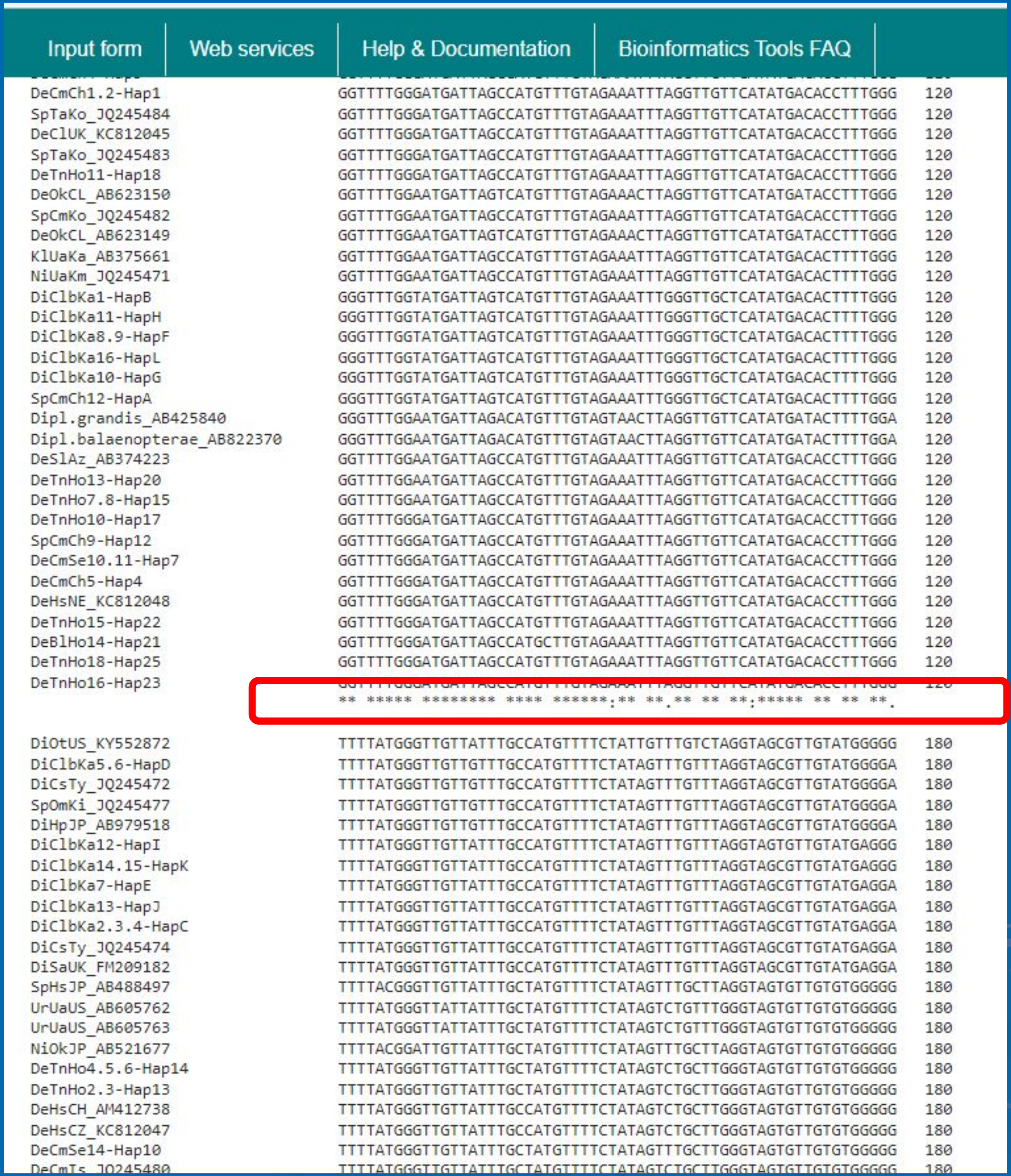
(Click here, if you want to view or change the default settings.)

STEP 3 - Submit your job

☐ Be notified by email *(Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)*

3. Нажимаем Submi

4. Получаем результат



```
DeCmCh1.2-Hap1                  GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
SpTaKo_JQ245484                 GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeClUK_KC812045                 GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
SpTaKo_JQ245483                 GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeTnHo11-Hap18                  GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeOkCL_AB623150                 GGTTTTGGAATGATTAGTCATGTTTGTAGAAACTTAGGTTGTTCATATGATACCTTTGGG   120
SpCmKo_JQ245482                 GGTTTTGGAATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeOkCL_AB623149                 GGTTTTGGAATGATTAGTCATGTTTGTAGAAACTTAGGTTGTTCATATGATACCTTTGGG   120
KlUaKa_AB375661                 GGTTTTGGAATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACTTTTGGG   120
NiUaKm_JQ245471                 GGTTTTGGAATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACTTTTGGG   120
DiClbKa1-HapB                   GGGTTTGGTATGATTAGTCATGTTTGTAGAAATTTGGGTTGCTCATATGACACTTTTGGG   120
DiClbKa11-HapH                  GGGTTTGGTATGATTAGTCATGTTTGTAGAAATTTGGGTTGCTCATATGACACTTTTGGG   120
DiClbKa8.9-HapF                 GGGTTTGGTATGATTAGTCATGTTTGTAGAAATTTGGGTTGCTCATATGACACTTTTGGG   120
DiClbKa16-HapL                  GGGTTTGGTATGATTAGTCATGTTTGTAGAAATTTGGGTTGCTCATATGACACTTTTGGG   120
DiClbKa10-HapG                  GGGTTTGGTATGATTAGTCATGTTTGTAGAAATTTGGGTTGCTCATATGACACTTTTGGG   120
SpCmCh12-HapA                   GGGTTTGGTATGATTAGTCATGTTTGTAGAAATTTGGGTTGCTCATATGACACTTTTGGG   120
Dipl.grandis_AB425840           GGGTTTGGAATGATTAGACATGTTTGTAGTAACTTAGGTTGTTCATATGATACTTTTGGA   120
Dipl.balaenopterae_AB822370     GGGTTTGGAATGATTAGACATGTTTGTAGTAACTTAGGTTGTTCATATGATACTTTTGGA   120
DeSlAz_AB374223                 GGTTTTGGAATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeTnHo13-Hap20                  GGTTTTGGAATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeTnHo7.8-Hap15                 GGTTTTGGAATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeTnHo10-Hap17                  GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
SpCmCh9-Hap12                   GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeCmSe10.11-Hap7                GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeCmCh5-Hap4                    GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeHsNE_KC812048                 GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeTnHo15-Hap22                  GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeBlHo14-Hap21                  GGTTTTGGGATGATTAGCCATGCTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeTnHo18-Hap25                  GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
DeTnHo16-Hap23                  GGTTTTGGGATGATTAGCCATGTTTGTAGAAATTTAGGTTGTTCATATGACACCTTTGGG   120
                                ** ***** ******** **** ******:** **.** ** **:***** ** ** **.

DiOtUS_KY552872                 TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATTGTTTGTCTAGGTAGCGTTGTATGGGGG   180
DiClbKa5.6-HapD                 TTTTATGGGTTGTTGTTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGGGGA   180
DiCsTy_JQ245472                 TTTTATGGGTTGTTGTTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGGGGA   180
SpOmKi_JQ245477                 TTTTATGGGTTGTTGTTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGGGGA   180
DiHpJP_AB979518                 TTTTATGGGTTGTTGTTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGGGGA   180
DiClbKa12-HapI                  TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGTGTTGTATGAGGG   180
DiClbKa14.15-HapK               TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGAGGG   180
DiClbKa7-HapE                   TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGAGGA   180
DiClbKa13-HapJ                  TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGAGGA   180
DiClbKa2.3.4-HapC               TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGAGGA   180
DiCsTy_JQ245474                 TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGAGGA   180
DiSaUK_FM209182                 TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTTTGTTTAGGTAGCGTTGTATGAGGA   180
SpHsJP_AB488497                 TTTTACGGGTTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTTTGCTTAGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
UrUaUS_AB605762                 TTTTATGGGTTATTATTTGCTATGTTTTCTATAGTCTGTTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
UrUaUS_AB605763                 TTTTATGGGTTATTATTTGCTATGTTTTCTATAGTCTGTTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
NiOkJP_AB521677                 TTTTACGGATTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTTTGCTTAGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
DeTnHo4.5.6-Hap14               TTTTATGGGTTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTCTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
DeTnHo2.3-Hap13                 TTTTATGGGTTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTCTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
DeHsCH_AM412738                 TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTCTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
DeHsCZ_KC812047                 TTTTATGGGTTGTTATTTGCCATGTTTTCTATAGTCTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
DeCmSe14-Hap10                  TTTTATGGGTTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTTTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
DeCmIs_JQ245480                 TTTTATGGGTTGTTATTTGCTATGTTTTCTATAGTCTGCTTGGGTAGTGTTGTGTGGGGG   180
```

5. Интерпретация

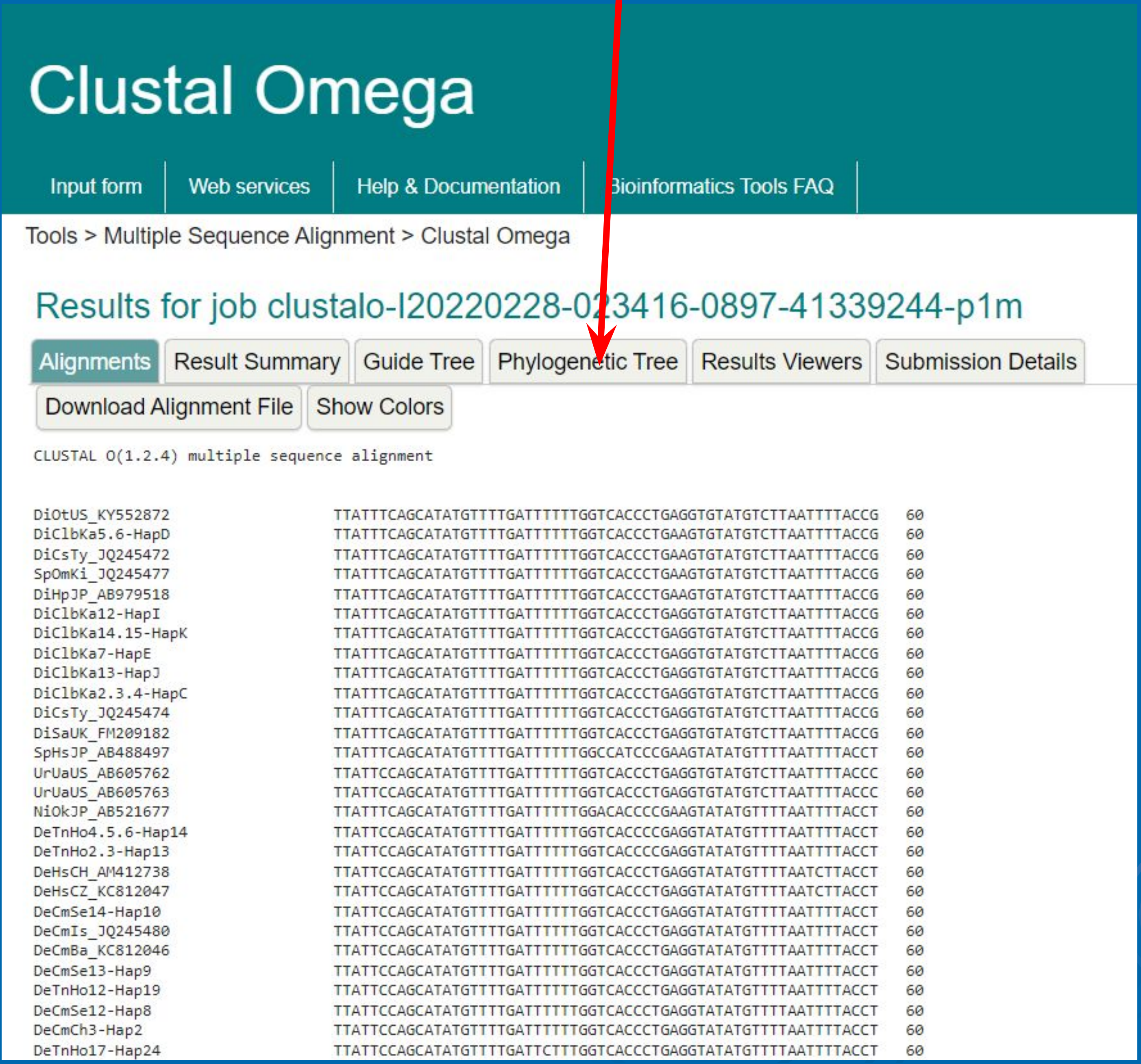
- **Звездочка (*)** – различия по данной позиции (нуклеотид или аминокислота) отсутствуют между разными последовательностями
- **Пробел ( ), точка (.) , двоеточие (:)** – по данной позиции имеются различия между разными последовательностями

Чтение выходных данных выравнивания нескольких последовательностей

Символ	Определение	Имея в виду
*	звездочка	позиции, которые имеют единственный и полностью консервативный остаток
:	двоеточие	сохранение между группами сильно схожих свойств с результатом более 0,5 по матрице PAM 250
.	период	сохранение между группами слабо сходных свойств с оценкой меньше или равной 0,5 по матрице PAM 250

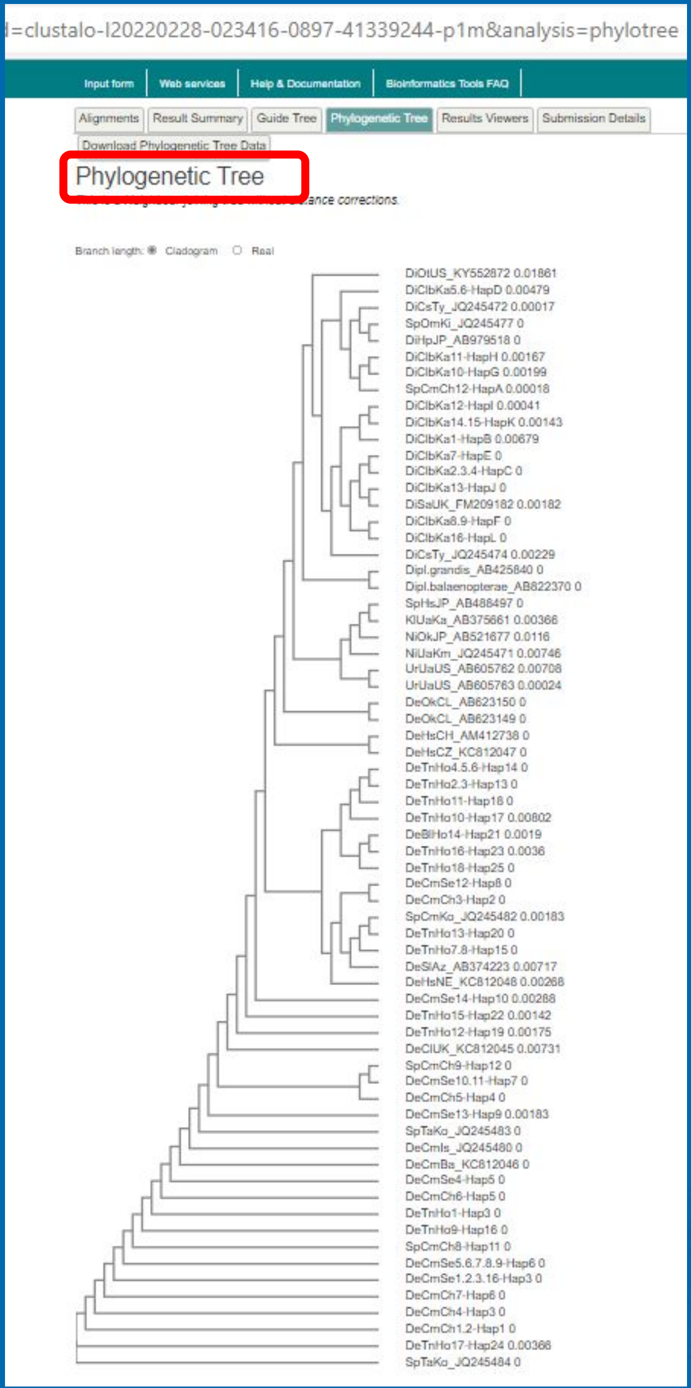
- Одни и те же символы показаны как для выравнивания ДНК / РНК, так и для выравнивания белков, поэтому, хотя символы * (звездочка) полезны для обоих, другие согласованные символы следует игнорировать при выравнивании ДНК / РНК.

6. Здесь же можно посмотреть предварительное филогенетическое дерево



Results for job clustalo-I20220228-023416-0897-41339244-p1m

```
CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment


DiOtUS_KY552872           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiClbKa5.6-HapD           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAAGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiCsTy_JQ245472           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAAGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
SpOmKi_JQ245477           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAAGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiHpJP_AB979518           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAAGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiClbKa12-HapI            TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiClbKa14.15-HapK         TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiClbKa7-HapE             TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiClbKa13-HapJ            TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiClbKa2.3.4-HapC         TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiCsTy_JQ245474           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
DiSaUK_FM209182           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCG  60
SpHsJP_AB488497           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGCCATCCCGAAGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
UrUaUS_AB605762           TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCC  60
UrUaUS_AB605763           TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTGTATGTCTTAATTTTACCC  60
NiOkJP_AB521677           TTATTTCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGACACCCCGAAGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeTnHo4.5.6-Hap14         TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCCGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeTnHo2.3-Hap13           TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCCGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeHsCH_AM412738           TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATCTTACCT  60
DeHsCZ_KC812047           TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATCTTACCT  60
DeCmSe14-Hap10            TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeCmIs_JQ245480           TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeCmBa_KC812046           TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeCmSe13-Hap9             TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeTnHo12-Hap19            TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeCmSe12-Hap8             TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeCmCh3-Hap2              TTATTCCAGCATATGTTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
DeTnHo17-Hap24            TTATTCCAGCATATGTTTTGATTCTTTGGTCACCCTGAGGTATATGTTTTAATTTTACCT  60
```



l=clustalo-I20220228-023416-0897-41339244-p1m&analysis=phylotree

Phylogenetic Tree

ance corrections.

Branch length: ● Cladogram ○ Real

BLAST

- **BLAST** (англ. **B**asic **L**ocal **A**lignment **S**earch **T**ool — средство поиска основного локального выравнивания) — семейство компьютерных программ, служащих **для поиска гомологов белков или нуклеиновых кислот**, для которых известна первичная структура (последовательность) или её фрагмент.
- Используя BLAST, исследователь может сравнить имеющуюся у него последовательность с последовательностями из базы данных и найти последовательности предполагаемых гомологов.
- Является важнейшим инструментом для молекулярных биологов, биоинформатиков и систематиков.

Классификация программ серии BLAST
Нуклеотидные

- предназначены для сравнения изучаемой нуклеотидной последовательности с базой данных секвенированных нуклеиновых кислот и их участков:

- **blastn** — медленное сравнение с целью поиска всех сходных последовательностей и др.
- **megablast** — быстрое сравнение с целью поиска высоко сходных последовательностей,
- **dmegablast** — быстрое сравнение с целью поиска дивергировавших последовательностей, обладающих незначительным сходством,

Классификация программ серии BLAST

Белковые

- предназначены для сравнения изучаемой аминокислотной последовательности белка с имеющейся базой данных белков и их участков.

- **blastp** — медленное сравнение с целью поиска всех сходных последовательностей,
- **cdart** — сравнение с целью поиска гомологичных белков по доменной архитектуре,
- **rpsblast** — сравнение с базой данных консервативных доменов,
- **psi-blast** — сравнение с целью поиска последовательностей, обладающих незначительным сходством,
- **phi-blast** — поиск белков, содержащих определённый пользователем паттерн и др.

Классификация программ серии BLAST

Транслирующие

- способны транслировать нуклеотидные последовательности в аминокислотные:
- **blastx — переводит изучаемую нуклеотидную последовательность в кодируемые аминокислоты, а затем сравнивает её с имеющейся базой данных аминокислотных последовательностей белков,**
- **tblastn — изучаемая аминокислотная последовательность сравнивается с транслированными последовательностями базы данных секвенированных нуклеиновых кислот,**
- **tblastx** — переводит изучаемую нуклеотидную последовательность в аминокислотную, а затем сравнивает её с транслированными последовательностями базы данных секвенированных нуклеиновых кислот.

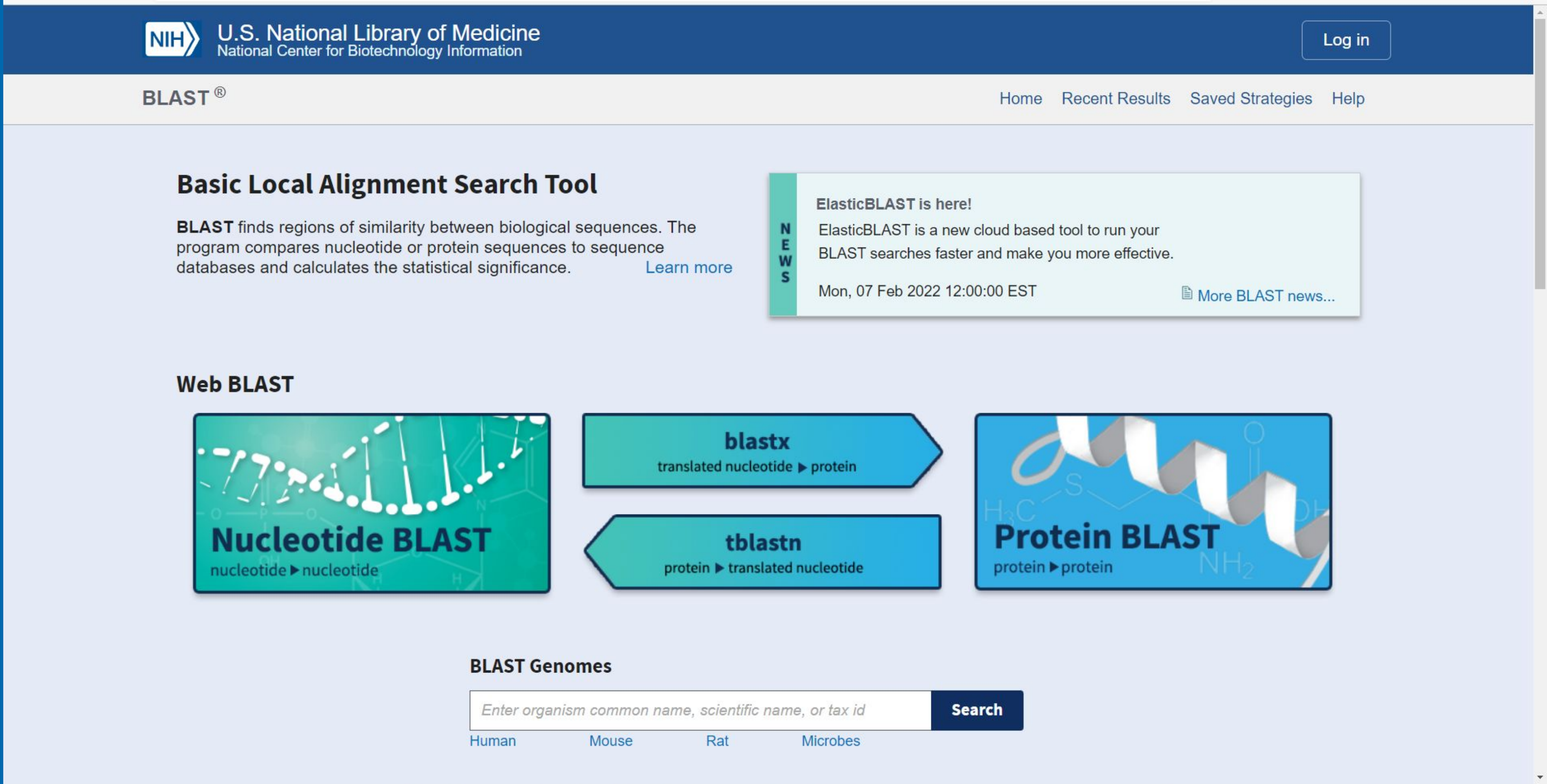
Классификация программ серии BLAST

Геномные

- предназначены для сравнения изучаемой нуклеотидной последовательности с базой данных секвенированного генома какого-либо организма (человека, мыши и др.)

- **magicblast** — картирует прочтения (риды) на полный геном или транскриптом.

- Переходим в сервис BLAST Национального центра биотехнологической информации США (NCBI) по ссылке:
- https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi



U.S. National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. Learn more

NEWS

ElasticBLAST is here!

ElasticBLAST is a new cloud based tool to run your BLAST searches faster and make you more effective.

Mon, 07 Feb 2022 12:00:00 EST

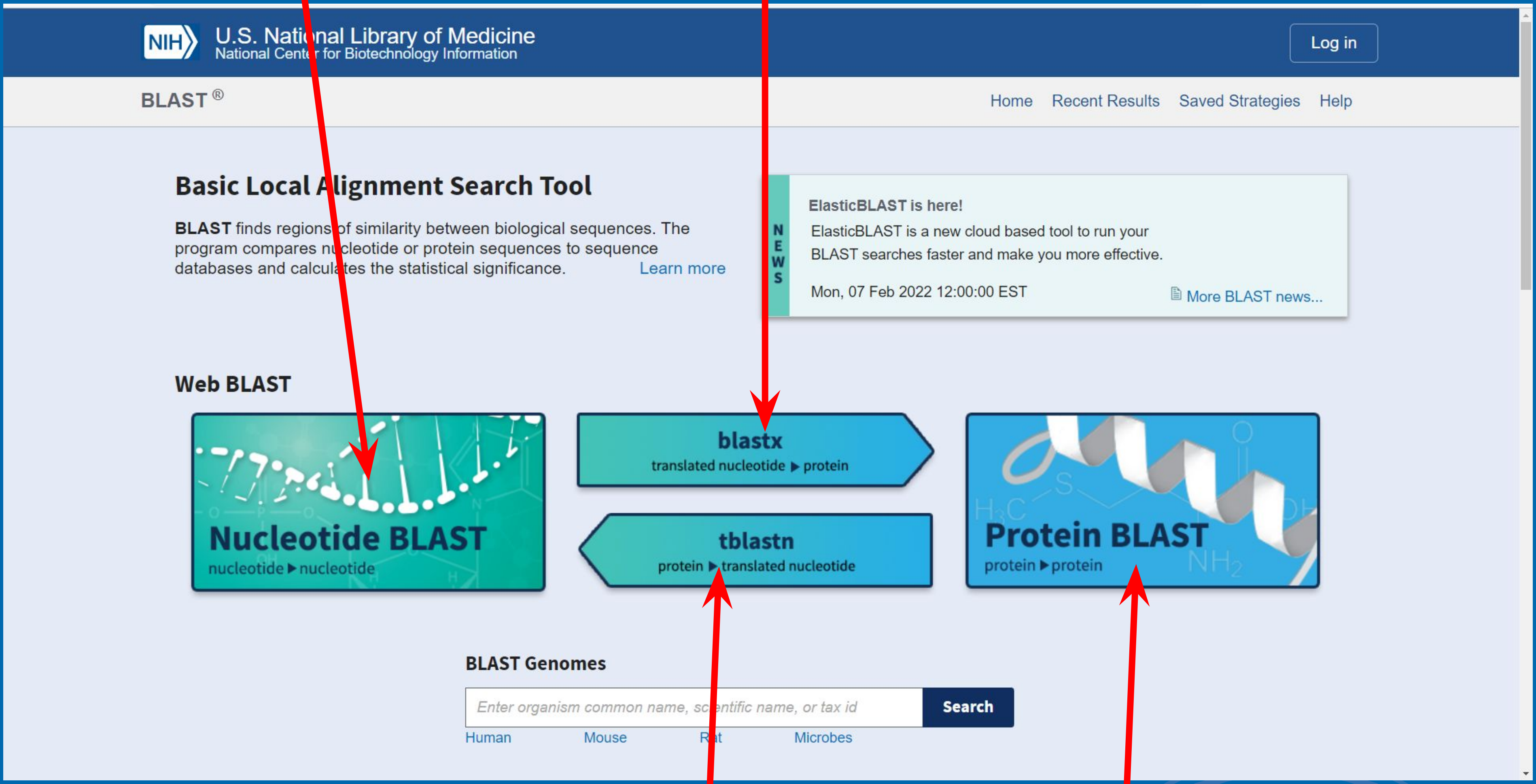
More BLAST news...

Web BLAST

BLAST Genomes

Enter organism common name, scientific name, or tax id blastn

blastx



Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. Learn more

ElasticBLAST is here!

ElasticBLAST is a new cloud based tool to run your BLAST searches faster and make you more effective.

Mon, 07 Feb 2022 12:00:00 EST

More BLAST news...

tblastn

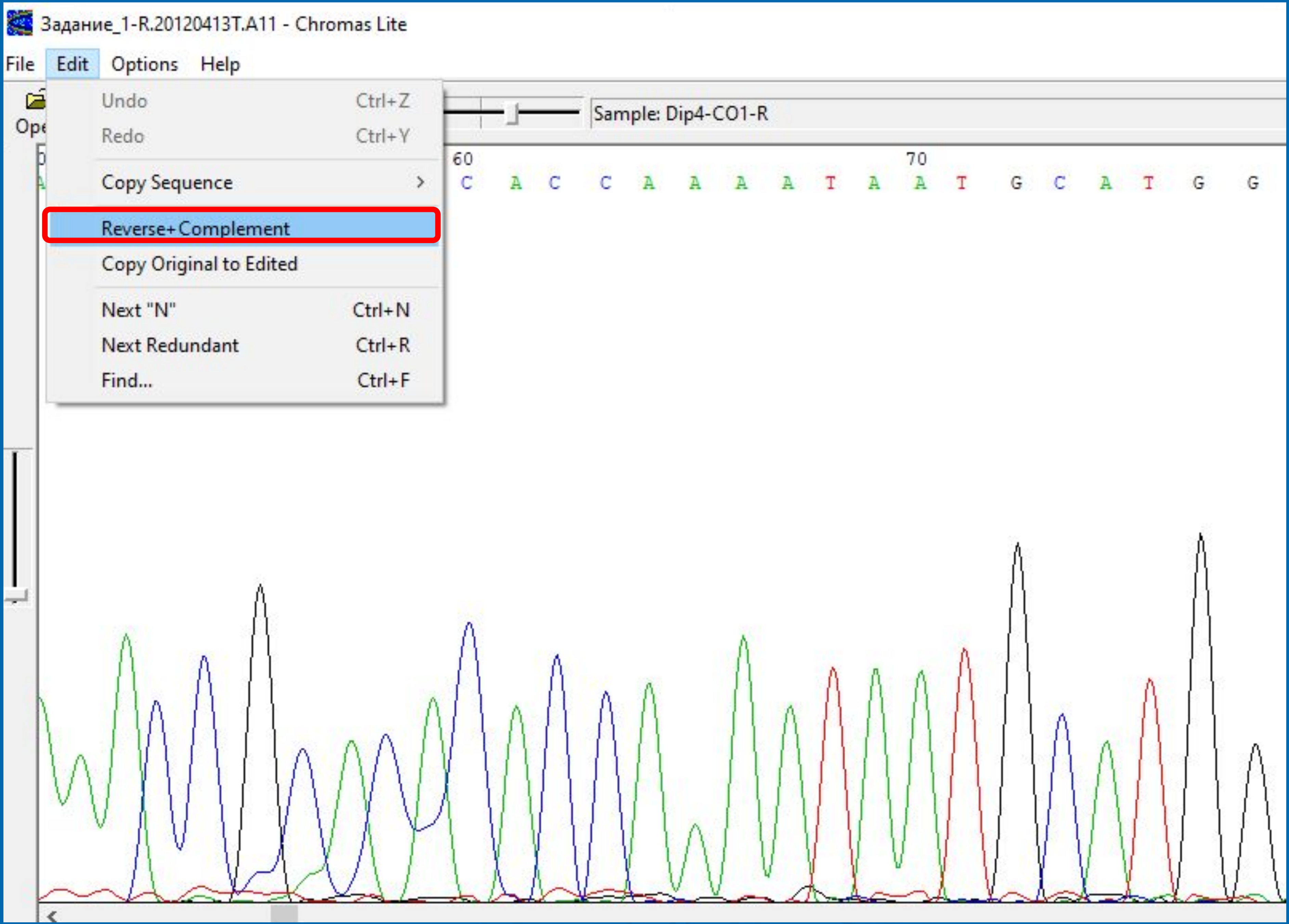
blastp

Задача 1. Форма отчета

- Каждый лично на своем компьютере делает скриншот/фото (так, чтобы было видно номер компьютера/монитора, время на мониторе) списка гомологов в сервисе BLAST
- Каждый лично отправляет мне в Вайбере в личку: 1) полученное фото, а также 2) название вида, от которого получена последовательность нуклеотидов и 3) название гена, в котором содержится данная последовательность

Задача 1

1. Открыть с помощью программы Chromas файл с хроматограммой Задание_1-R.20120413T.A11 из папки Задания
2. Это последовательность нуклеотидов, полученная путем секвенирования ДНК на основании обратного праймера reverse (R)
3. Поэтому для получения прямой последовательности необходимо применить функцию Reverse + Complement (RC) (т.е. перевернуть и получить комплементарную для нее последовательность):

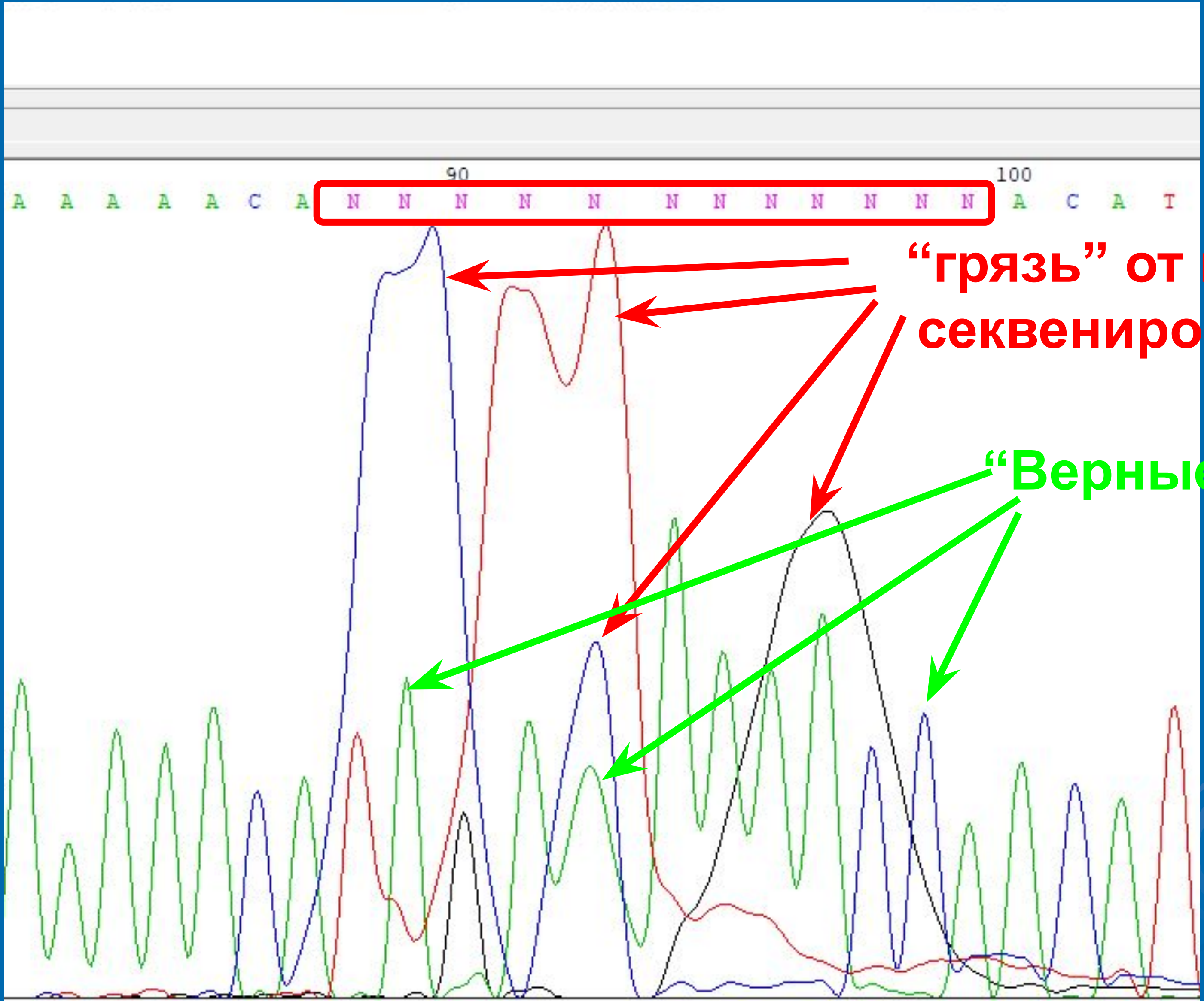


Sample: Dip4-CO1-R

C A C C A A A A T A A T G C A T G G

Задача 1

4. Вместо символов N поставить соответствующие хроматограмме нуклеотиды

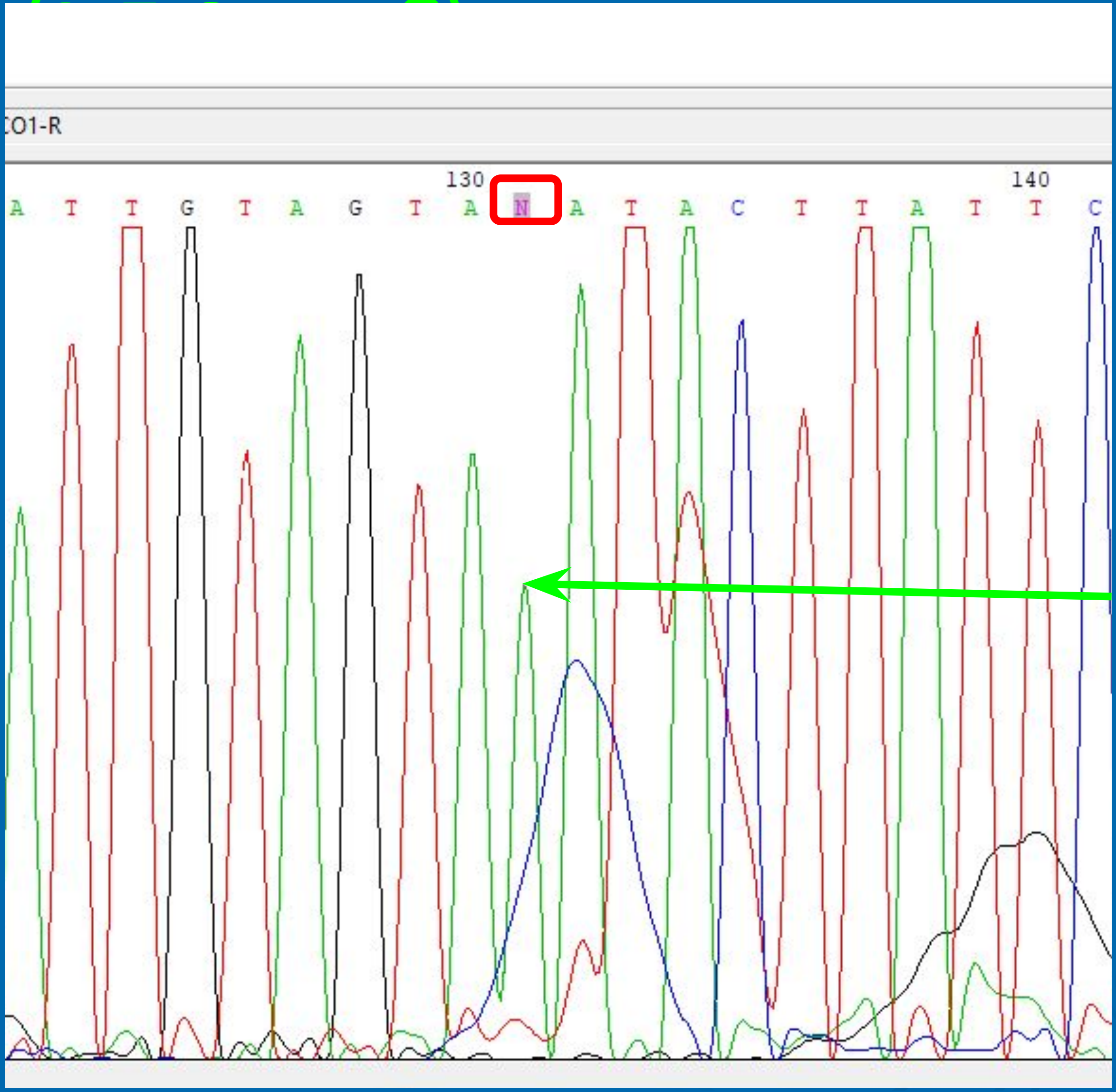


“грязь” от красителя для секвенирования Big Dye

“Верные нуклеотиды”

Задача 1

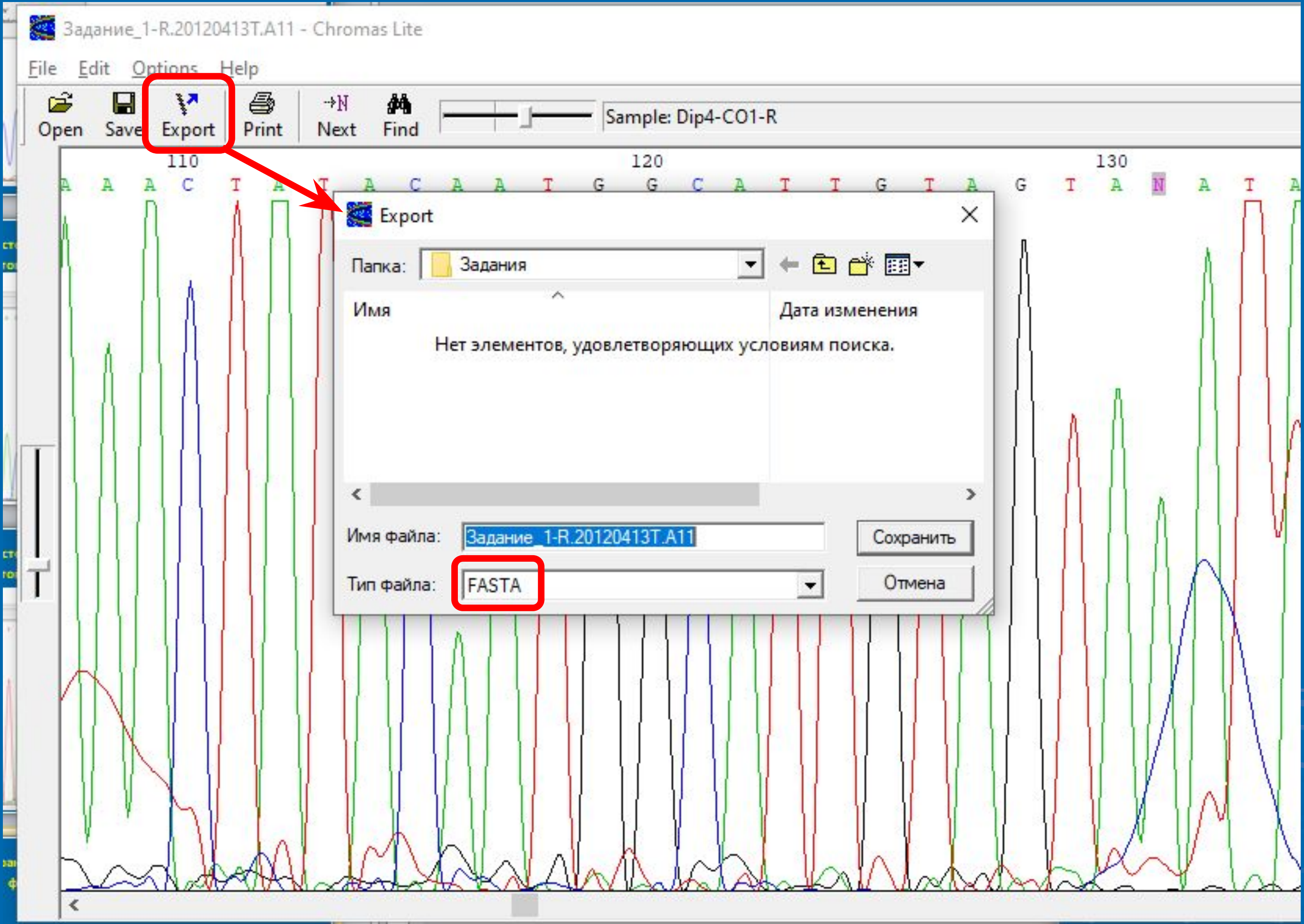
4. Вместо символов N поставить соответствующие хроматограмме нуклеотиды



“Верный нуклеотид”

Задача 1

5. Сохранить отредактированную последовательность в новый файл в формате



Sample: Dip4-CO1-R

Папка: Задания

Имя | Дата изменения

Нет элементов, удовлетворяющих условиям поиска.

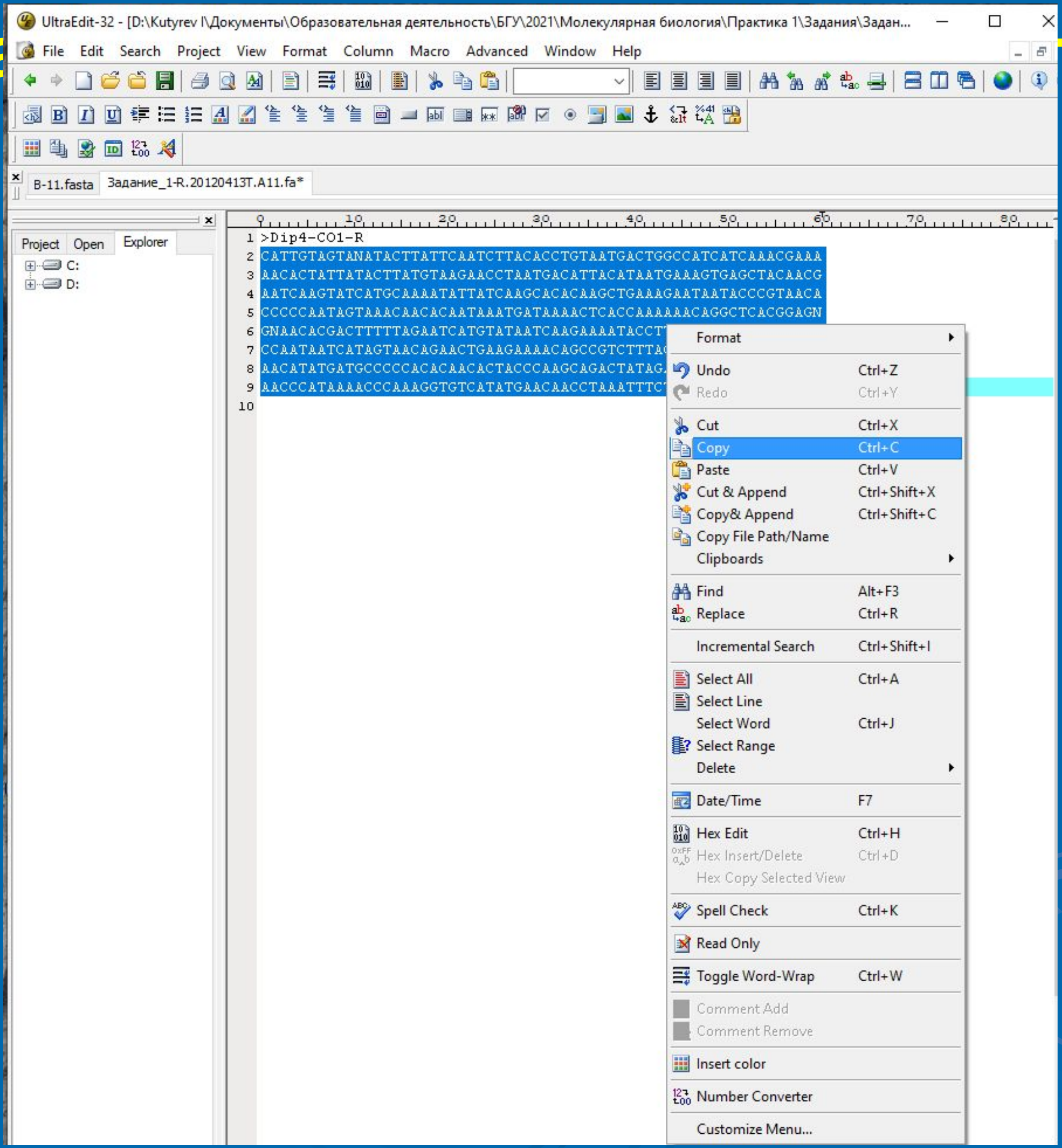
Имя файла: Задание_1-R.20120413T.A11

Тип файла: FASTA

Задача 1

6. Открыть сохраненный файл в программе UltraEdit-32

7. Копирова леотидов:

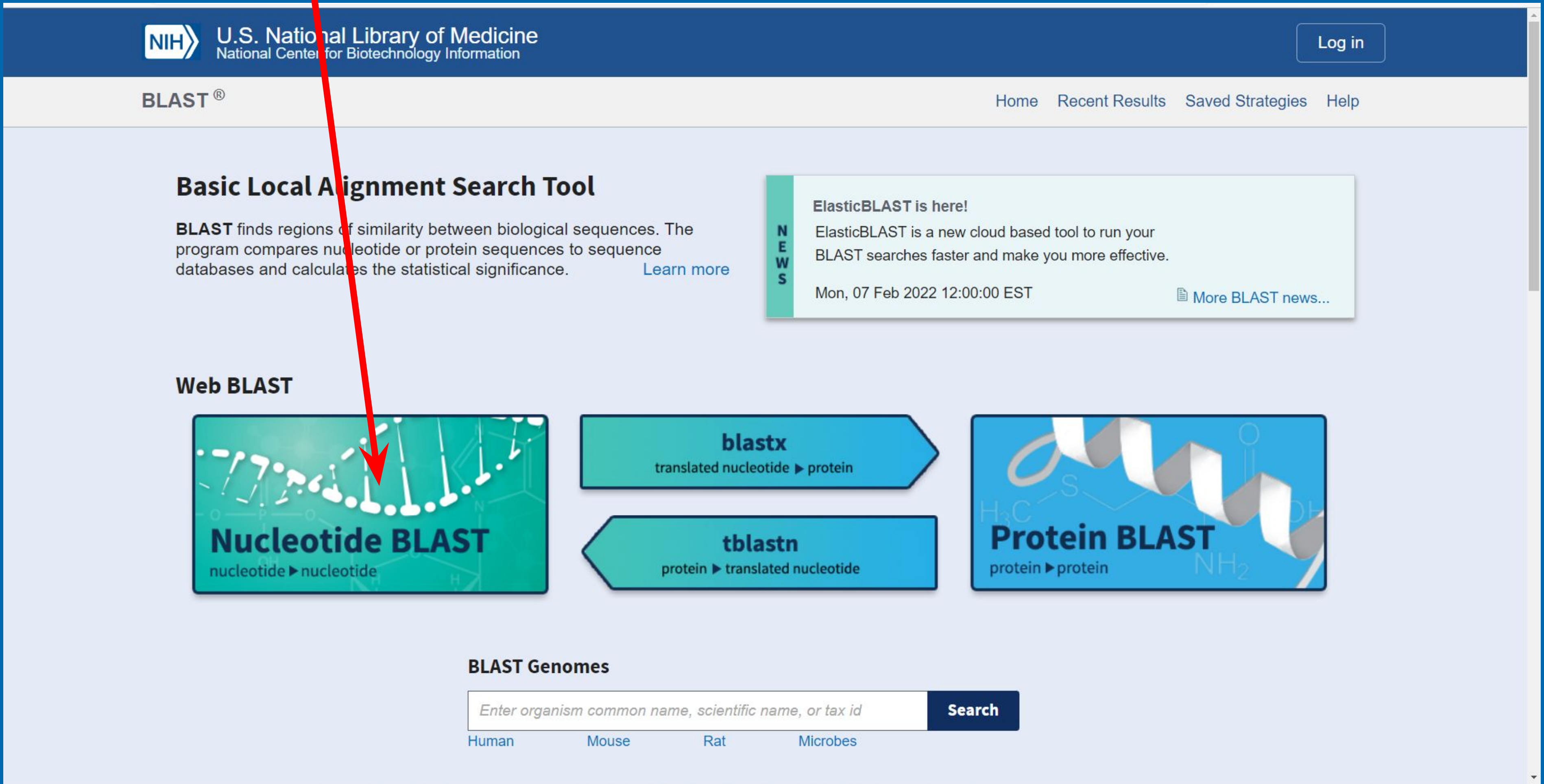


```
>Dip4-CO1-R
CATTGTAGTANATACTTATTCAATCTTACACCTGTAATGACTGGCCATCATCAAACGAAA
AACACTATTATACTTATGTAAGAACCTAATGACATTACATAATGAAAGTGAGCTACAACG
AATCAAGTATCATGCAAAATATTATCAAGCACACAAGCTGAAAGAATAATACCCGTAACA
CCCCCAATAGTAAACAACACAATAAATGATAAAACTCACCAAAAAACAGGCTCACGGAGN
GNAACACGACTTTTTAGAATCATGTATAATCAAGAAAATACCTT
CCAATAATCATAGTAACAGAACTGAAGAAAACAGCCGTCTTTAC
AACATATGATGCCCCCACACAACACTACCCAAGCAGACTATAG
AACCCATAAAACCCAAAGGTGTCATATGAACAACCTAAATTTCT
```

Задача 1

- 8. Переходим в сервис BLAST :
- https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

blastn



Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. Learn more

NEWS

ElasticBLAST is here!

ElasticBLAST is a new cloud based tool to run your BLAST searches faster and make you more effective.

Mon, 07 Feb 2022 12:00:00 EST

More BLAST news...

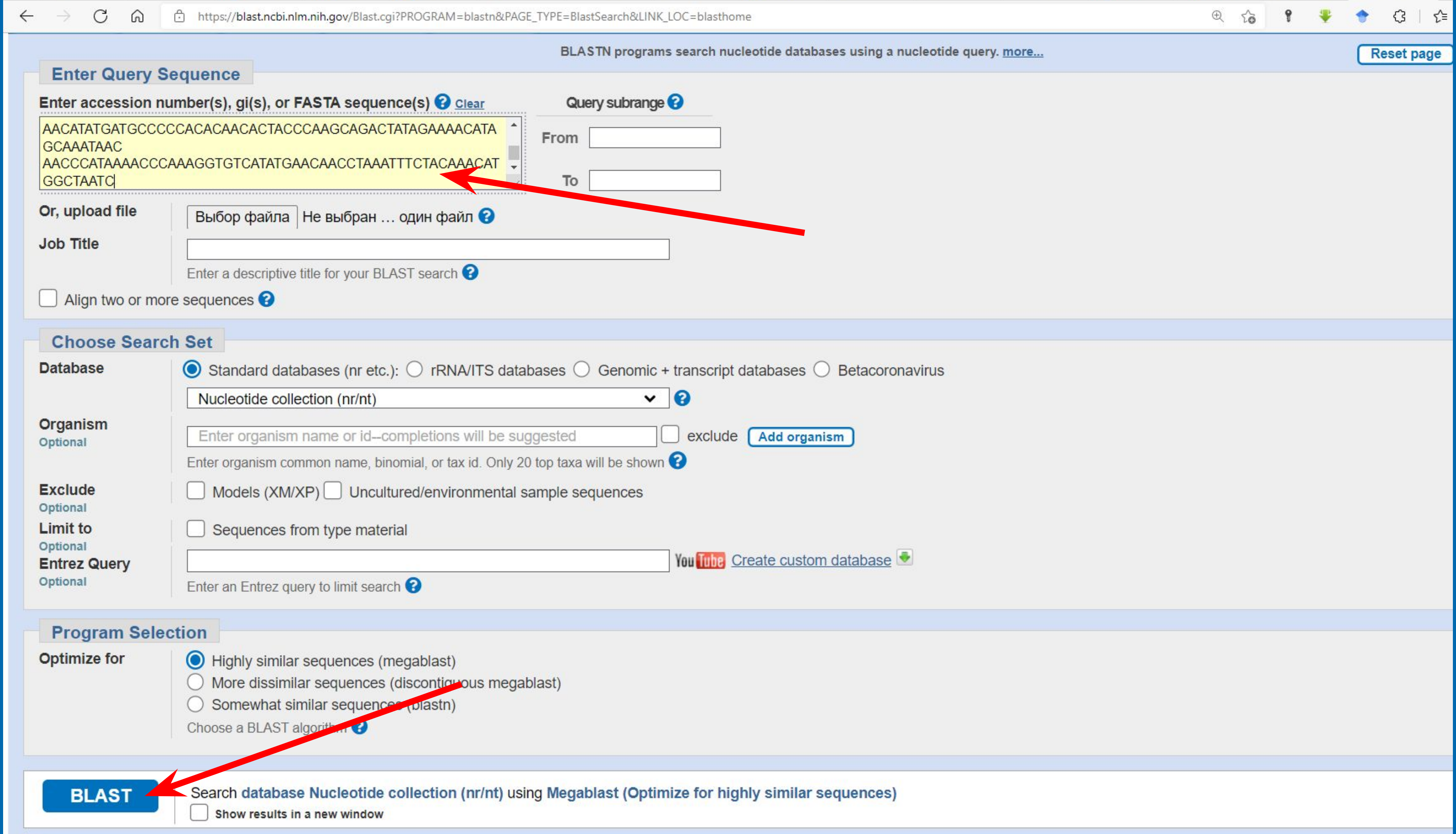
Web BLAST

BLAST Genomes

Enter organism common name, scientific name, or tax id

Задача 1

- **9. Вставляем последовательность в окошко**
- **10. Нажимаем кнопку BLAST:**



https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. more...

Reset page

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) Clear

```
AACATATGATGCCCCCACACAACACTACCCAAGCAGACTATAGAAAACATA
GCAAATAAC
AACCCATAAAACCCAAAGGTGTCATATGAACAACCTAAATTTCTACAAACAT
GGCTAATC
```

Query subrange: From ___ To ___

Or, upload file: Выбор файла Не выбран … один файл

Job Title: ___

Enter a descriptive title for your BLAST search

☐ Align two or more sequences

Choose Search Set

Database: ● Standard databases (nr etc.): ○ rRNA/ITS databases ○ Genomic + transcript databases ○ Betacoronavirus

Nucleotide collection (nr/nt)

Organism (Optional): Enter organism name or id--completions will be suggested ☐ exclude Add organism

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown

Exclude (Optional): ☐ Models (XM/XP) ☐ Uncultured/environmental sample sequences

Limit to (Optional): ☐ Sequences from type material

Entrez Query (Optional): ___ YouTube Create custom database

Enter an Entrez query to limit search

Program Selection

Optimize for:
● Highly similar sequences (megablast)
○ More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
○ Somewhat similar sequences (blastn)

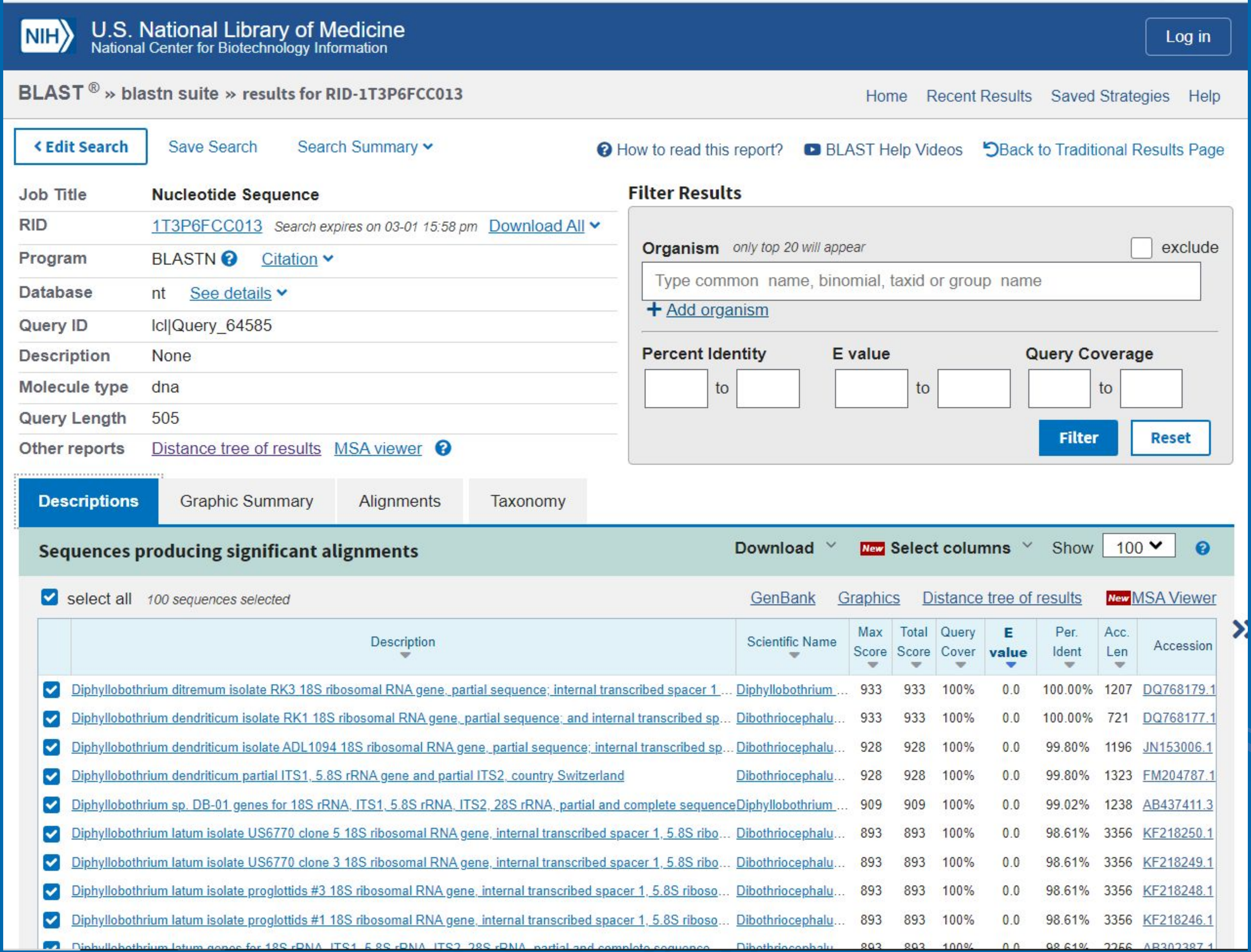
Choose a BLAST algorithm

BLAST — Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

☐ Show results in a new window

Задача 1

- **11. Получаем в итоге список гомологов, близких к нашей последовательности**



Job Title	Nucleotide Sequence
RID	1T3P6FCC013 *Search expires on 03-01 15:58 pm* Download All ⌄
Program	BLASTN Citation ⌄
Database	nt See details ⌄
Query ID	lcl|Query_64585
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	505
Other reports	Distance tree of results MSA viewer

Filter Results

Organism *only top 20 will appear* ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

+ Add organism

Percent Identity ___ to ___ E value ___ to ___ Query Coverage ___ to ___

Sequences producing significant alignments

☑ select all *100 sequences selected*

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Diphyllobothrium ditremum isolate RK3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 ...	Diphyllobothrium ...	933	933	100%	0.0	100.00%	1207	DQ768179.1
☑	Diphyllobothrium dendriticum isolate RK1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed sp...	Dibothriocephalu...	933	933	100%	0.0	100.00%	721	DQ768177.1
☑	Diphyllobothrium dendriticum isolate ADL1094 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed sp...	Dibothriocephalu...	928	928	100%	0.0	99.80%	1196	JN153006.1
☑	Diphyllobothrium dendriticum partial ITS1, 5.8S rRNA gene and partial ITS2, country Switzerland	Dibothriocephalu...	928	928	100%	0.0	99.80%	1323	FM204787.1
☑	Diphyllobothrium sp. DB-01 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA, partial and complete sequence	Diphyllobothrium ...	909	909	100%	0.0	99.02%	1238	AB437411.3
☑	Diphyllobothrium latum isolate US6770 clone 5 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo...	Dibothriocephalu...	893	893	100%	0.0	98.61%	3356	KF218250.1
☑	Diphyllobothrium latum isolate US6770 clone 3 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo...	Dibothriocephalu...	893	893	100%	0.0	98.61%	3356	KF218249.1
☑	Diphyllobothrium latum isolate proglottids #3 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso...	Dibothriocephalu...	893	893	100%	0.0	98.61%	3356	KF218248.1
☑	Diphyllobothrium latum isolate proglottids #1 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso...	Dibothriocephalu...	893	893	100%	0.0	98.61%	3356	KF218246.1
☑	Diphyllobothrium latum genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA, partial and complete sequence	Dibothriocephalu...	893	893	100%	0.0	98.61%	3356	AB302387.1

Задача 1. Форма отчета

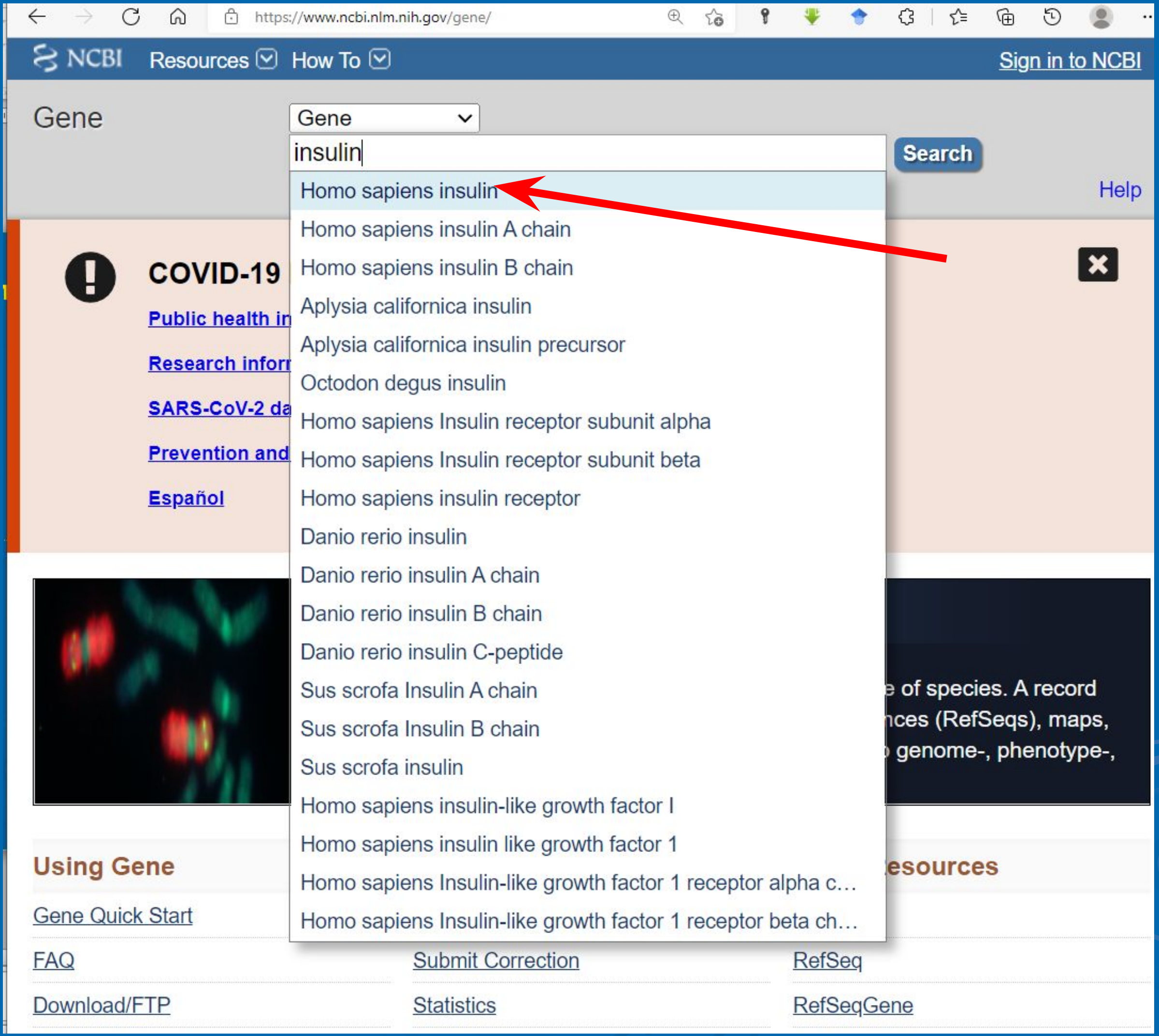
- **Каждый лично на своем компьютере делает скриншот/фото (так, чтобы было видно номер компьютера/монитора, время на мониторе) списка гомологов в сервисе BLAST**
- **Каждый лично отправляет мне в Вайбере в личку: 1) полученное фото, а также 2) название вида, от которого получена последовательность нуклеотидов и 3) название гена, в котором содержится данная последовательность**

Задача 2. Форма отчета

- **Каждый лично отправляет мне на почту sankaar@mail.ru :**
- **1) файл** insulin.fasta
- **2) insulin_alignment.fas**
- **3) insulin_best model.xls**
- **4) insulin_tree.mts**

Задача 2

1. **Найти в ГенБанке нуклеотидную последовательность гена (части гена) инсулина человека https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/**

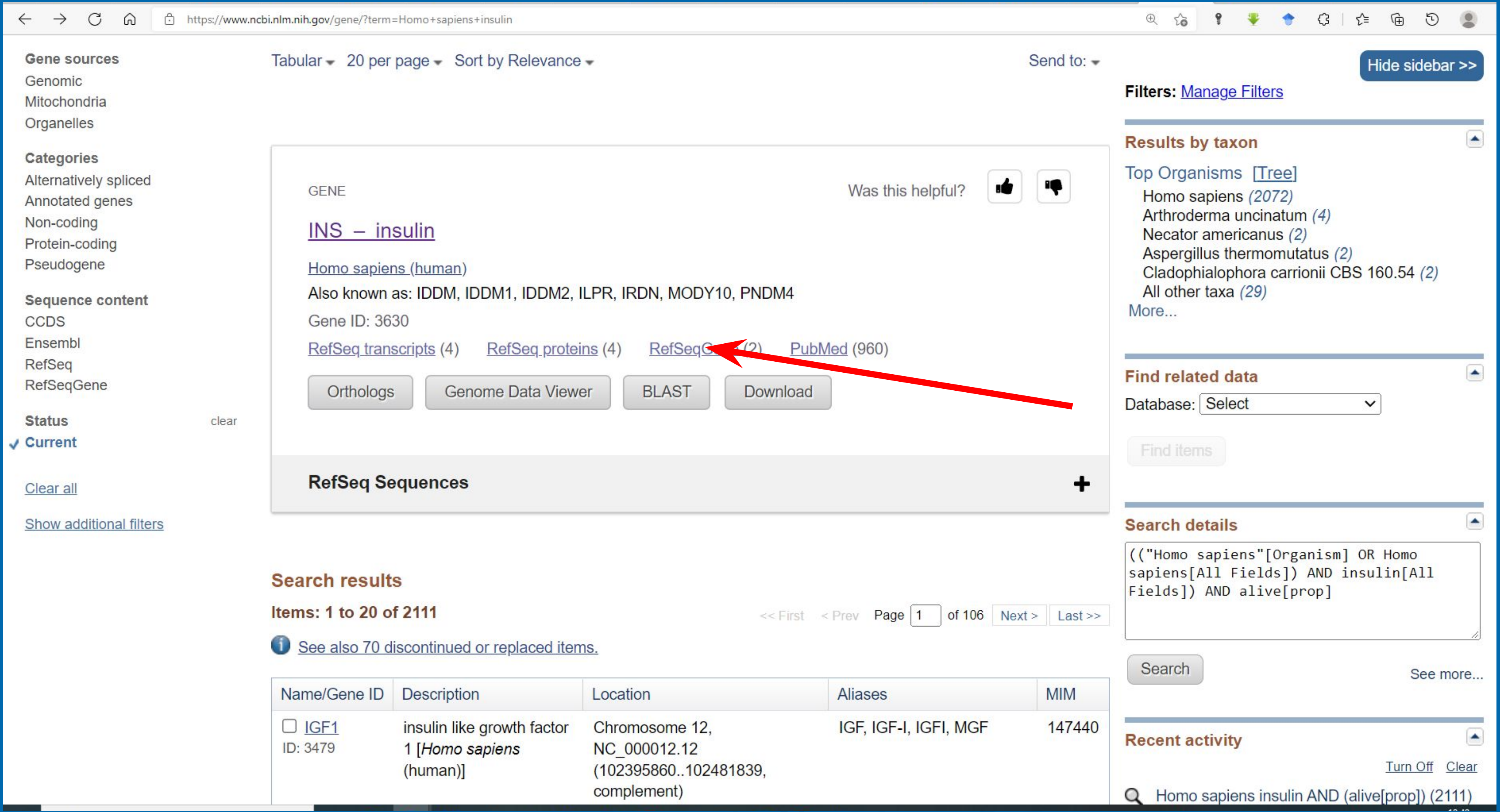


Homo sapiens insulin
Homo sapiens insulin A chain
Homo sapiens insulin B chain
Aplysia californica insulin
Aplysia californica insulin precursor
Octodon degus insulin
Homo sapiens Insulin receptor subunit alpha
Homo sapiens Insulin receptor subunit beta
Homo sapiens insulin receptor
Danio rerio insulin
Danio rerio insulin A chain
Danio rerio insulin B chain
Danio rerio insulin C-peptide
Sus scrofa Insulin A chain
Sus scrofa Insulin B chain
Sus scrofa insulin
Homo sapiens insulin-like growth factor I
Homo sapiens insulin like growth factor 1
Homo sapiens Insulin-like growth factor 1 receptor alpha c…
Homo sapiens Insulin-like growth factor 1 receptor beta ch…

e of species. A record
nces (RefSeqs), maps,
genome-, phenotype-,

Задача 2

1. **Найти в ГенБанке нуклеотидную последовательность гена (части гена) инсулина человека https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/**



GENE

INS – insulin

Homo sapiens (human)

Also known as: IDDM, IDDM1, IDDM2, ILPR, IRDN, MODY10, PNDM4

Gene ID: 3630

RefSeq transcripts (4) RefSeq proteins (4) RefSeqG (2) PubMed (960)

Filters: Manage Filters

Results by taxon

Top Organisms [Tree]

Homo sapiens	(2072)
Arthroderma uncinatum	(4)
Necator americanus	(2)
Aspergillus thermomutatus	(2)
Cladophialophora carrionii CBS 160.54	(2)
All other taxa	(29)

More...

Find related data

Database: Select

Search details

((“Homo sapiens”[Organism] OR Homo sapiens[All Fields]) AND insulin[All Fields]) AND alive[prop]

Recent activity

Homo sapiens insulin AND (alive[prop]) (2111)

Search results

Items: 1 to 20 of 2111

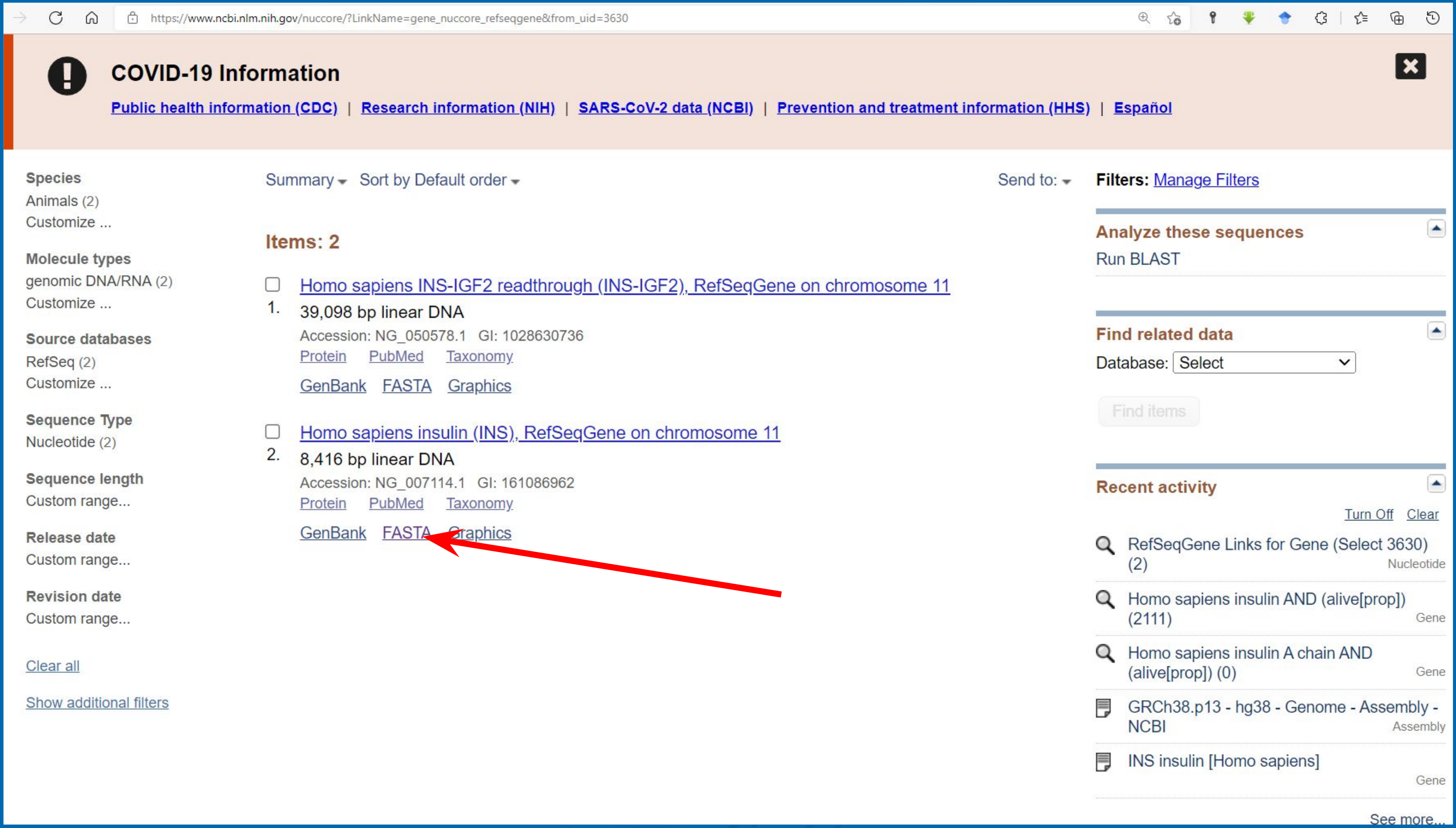
<< First < Prev Page 1 of 106 Next > Last >>

See also 70 discontinued or replaced items.

Name/Gene ID	Description	Location	Aliases	MIM
☐ IGF1 ID: 3479	insulin like growth factor 1 [*Homo sapiens* (human)]	Chromosome 12, NC_000012.12 (102395860..102481839, complement)	IGF, IGF-I, IGFI, MGF	147440

Задача 2

1. **Найти в ГенБанке нуклеотидную последовательность гена (части гена) инсулина человека https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/**



https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/?LinkName=gene_nuccore_refseqgene&from_uid=3630

COVID-19 Information

Public health information (CDC) | Research information (NIH) | SARS-CoV-2 data (NCBI) | Prevention and treatment information (HHS) | Español

Species
Animals (2)
Customize ...

Molecule types
genomic DNA/RNA (2)
Customize ...

Source databases
RefSeq (2)
Customize ...

Sequence Type
Nucleotide (2)

Sequence length
Custom range...

Release date
Custom range...

Revision date
Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary ▾ Sort by Default order ▾ Send to: ▾

Items: 2

☐ 1. Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11
39,098 bp linear DNA
Accession: NG_050578.1 GI: 1028630736
Protein PubMed Taxonomy
GenBank FASTA Graphics

☐ 2. Homo sapiens insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11
8,416 bp linear DNA
Accession: NG_007114.1 GI: 161086962
Protein PubMed Taxonomy
GenBank FASTA Graphics

Filters: Manage Filters

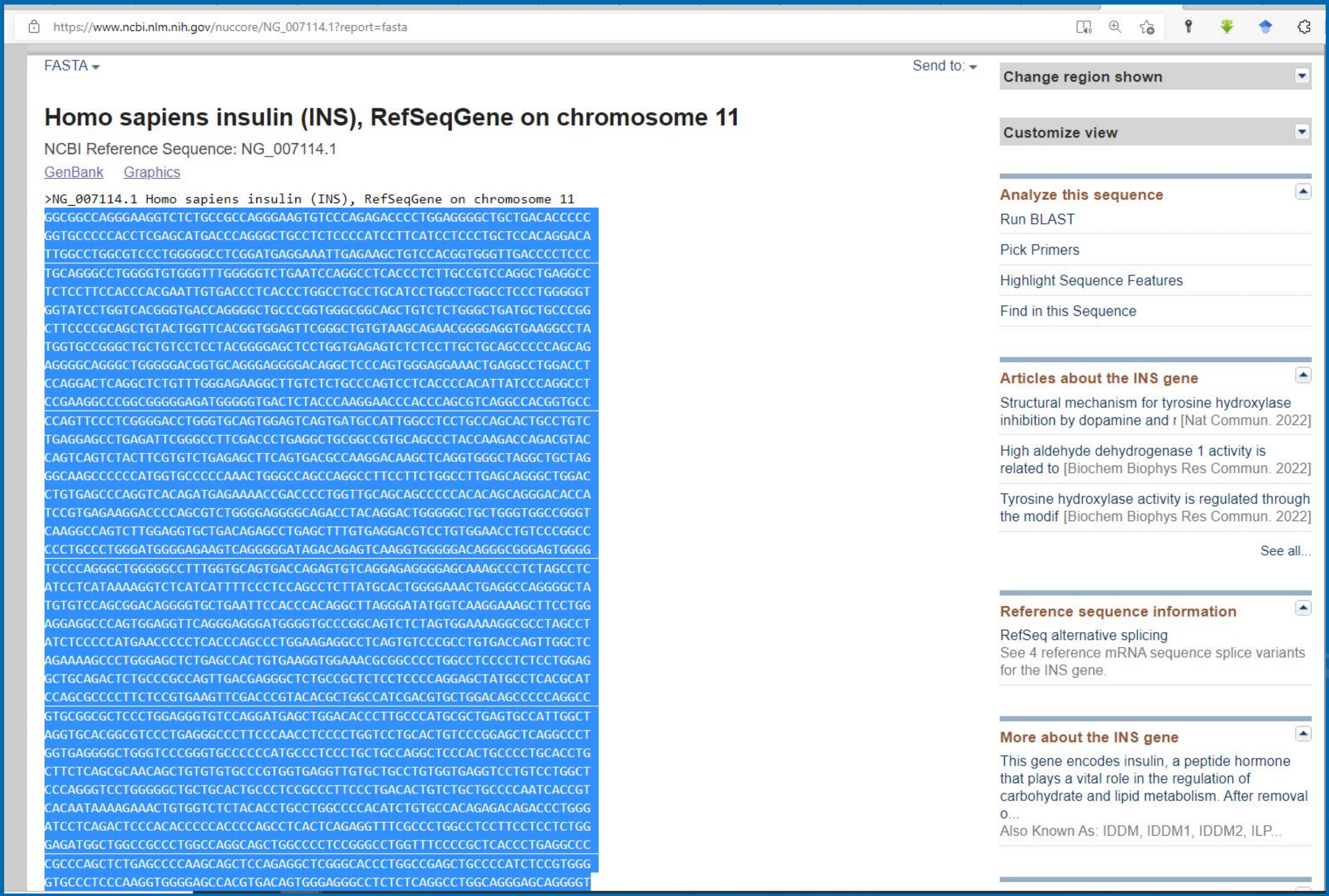
Analyze these sequences
Run BLAST

Find related data
Database: Select
Find items

Recent activity
Turn Off Clear
RefSeqGene Links for Gene (Select 3630) (2) Nucleotide
Homo sapiens insulin AND (alive[prop]) (2111) Gene
Homo sapiens insulin A chain AND (alive[prop]) (0) Gene
GRCh38.p13 - hg38 - Genome - Assembly - NCBI Assembly
INS insulin [Homo sapiens] Gene
See more...

Задача 2

1. **Найти в ГенБанке нуклеотидную последовательность гена (части гена) инсулина человека https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/**



https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NG_007114.1?report=fasta

Homo sapiens insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11

NCBI Reference Sequence: NG_007114.1

```
>NG_007114.1 Homo sapiens insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11
GGCGGCCAGGGAAGGTCTCTGCCGCCAGGGAAGTGTCCCAGAGACCCCTGGAGGGGCTGCTGACACCCCC
GGTGCCCCCACCTCGAGCATGACCCAGGGCTGCCTCTCCCCATCCTTCATCCTCCCTGCTCCACAGGACA
TTGGCCTGGCGTCCCTGGGGGCCTCGGATGAGGAAATTGAGAAGCTGTCCACGGTGGGTTGACCCCTCCC
TGCAGGGCCTGGGGTGTGGGTTTGGGGGTCTGAATCCAGGCCTCACCCTCTTGCCGTCCAGGCTGAGGCC
TCTCCTTCCACCCACGAATTGTGACCCTCACCCTGGCCTGCCTGCATCCTGGCCTGGCCTCCCTGGGGGT
GGTATCCTGGTCACGGGTGACCAGGGGCTGCCCGGTGGGCGGCAGCTGTCTCTGGGCTGATGCTGCCCGG
CTTCCCCGCAGCTGTACTGGTTCACGGTGGAGTTCGGGCTGTGTAAGCAGAACGGGGAGGTGAAGGCCTA
TGGTGCCGGGCTGCTGTCCTCCTACGGGGAGCTCCTGGTGAGAGTCTCTCCTTGCTGCAGCCCCCAGCAG
AGGGGCAGGGCTGGGGGACGGTGCAGGGAGGGGACAGGCTCCCAGTGGGAGGAAACTGAGGCCTGGACCT
CCAGGACTCAGGCTCTGTTTGGGAGAAGGCTTGTCTCTGCCCAGTCCTCACCCCACATTATCCCAGGCCT
CCGAAGGCCCGGCGGGGGAGATGGGGGTGACTCTACCCAAGGAACCCACCCAGCGTCAGGCCACGGTGCC
CCAGTTCCCTCGGGGACCTGGGTGCAGTGGAGTCAGTGATGCCATTGGCCTCCTGCCAGCACTGCCTGTC
TGAGGAGCCTGAGATTCGGGCCTTCGACCCTGAGGCTGCGGCCGTGCAGCCCTACCAAGACCAGACGTAC
CAGTCAGTCTACTTCGTGTCTGAGAGCTTCAGTGACGCCAAGGACAAGCTCAGGTGGGCTAGGCTGCTAG
GGCAAGCCCCCCATGGTGCCCCCAAACTGGGCCAGCCAGGCCTTCCTTCTGGCCTTGAGCAGGGCTGGAC
CTGTGAGCCCAGGTCACAGATGAGAAAACCGACCCCTGGTTGCAGCAGCCCCCACACAGCAGGGACACCA
TCCGTGAGAAGGACCCCAGCGTCTGGGGAGGGGCAGACCTACAGGACTGGGGGCTGCTGGGTGGCCGGGT
CAAGGCCAGTCTTGGAGGTGCTGACAGAGCCTGAGCTTTGTGAGGACGTCCTGTGGAACCTGTCCCGGCC
CCCTGCCCTGGGATGGGGAGAAGTCAGGGGGATAGACAGAGTCAAGGTGGGGGACAGGGCGGGAGTGGGG
TCCCCAGGGCTGGGGGCCTTTGGTGCAGTGACCAGAGTGTCAGGAGAGGGGAGCAAAGCCCTCTAGCCTC
ATCCTCATAAAAGGTCTCATCATTTTCCCTCCAGCCTCTTATGCACTGGGGAAACTGAGGCCAGGGGCTA
TGTGTCCAGCGGACAGGGGTGCTGAATTCCACCCACAGGCTTAGGGATATGGTCAAGGAAAGCTTCCTGG
AGGAGGCCCAGTGGAGGTTCAGGGAGGGATGGGGTGCCCGGCAGTCTCTAGTGGAAAAGGCGCCTAGCCT
ATCTCCCCCATGAACCCCCTCACCCAGCCCTGGAAGAGGCCTCAGTGTCCCGCCTGTGACCAGTTGGCTC
AGAAAAGCCCTGGGAGCTCTGAGCCACTGTGAAGGTGGAAACGCGGCCCCTGGCCTCCCCTCTCCTGGAG
GCTGCAGACTCTGCCCGCCAGTTGACGAGGGCTCTGCCGCTCTCCTCCCCAGGAGCTATGCCTCACGCAT
CCAGCGCCCCTTCTCCGTGAAGTTCGACCCGTACACGCTGGCCATCGACGTGCTGGACAGCCCCCAGGCC
GTGCGGCGCTCCCTGGAGGGTGTCCAGGATGAGCTGGACACCCTTGCCCATGCGCTGAGTGCCATTGGCT
AGGTGCACGGCGTCCCTGAGGGCCCTTCCCAACCTCCCCTGGTCCTGCACTGTCCCGGAGCTCAGGCCCT
GGTGAGGGGCTGGGTCCCGGGTGCCCCCCATGCCCTCCCTGCTGCCAGGCTCCCACTGCCCCTGCACCTG
CTTCTCAGCGCAACAGCTGTGTGTGCCCGTGGTGAGGTTGTGCTGCCTGTGGTGAGGTCCTGTCCTGGCT
CCCAGGGTCCTGGGGGCTGCTGCACTGCCCTCCGCCCTTCCCTGACACTGTCTGCTGCCCCAATCACCGT
CACAATAAAAGAAACTGTGGTCTCTACACCTGCCTGGCCCCACATCTGTGCCACAGAGACAGACCCTGGG
ATCCTCAGACTCCCACACCCCCACCCCAGCCTCACTCAGAGGTTTCGCCCTGGCCTCCTTCCTCCTCTGG
GAGATGGCTGGCCGCCCTGGCCAGGCAGCTGGCCCCTCCGGGCCTGGTTTCCCCGCTCACCCTGAGGCCC
CGCCCAGCTCTGAGCCCCAAGCAGCTCCAGAGGCTCGGGCACCCTGGCCGAGCTGCCCCATCTCCGTGGG
GTGCCCTCCCAAGGTGGGGAGCCACGTGACAGTGGGAGGGCCTCTCTCAGGCCTGGCAGGGAGCAGGGGT
```

Analyze this sequence

- Run BLAST
- Pick Primers
- Highlight Sequence Features
- Find in this Sequence

Articles about the INS gene

- Structural mechanism for tyrosine hydroxylase inhibition by dopamine and r [Nat Commun. 2022]
- High aldehyde dehydrogenase 1 activity is related to [Biochem Biophys Res Commun. 2022]
- Tyrosine hydroxylase activity is regulated through the modif [Biochem Biophys Res Commun. 2022]

See all...

Reference sequence information

RefSeq alternative splicing

See 4 reference mRNA sequence splice variants for the INS gene.

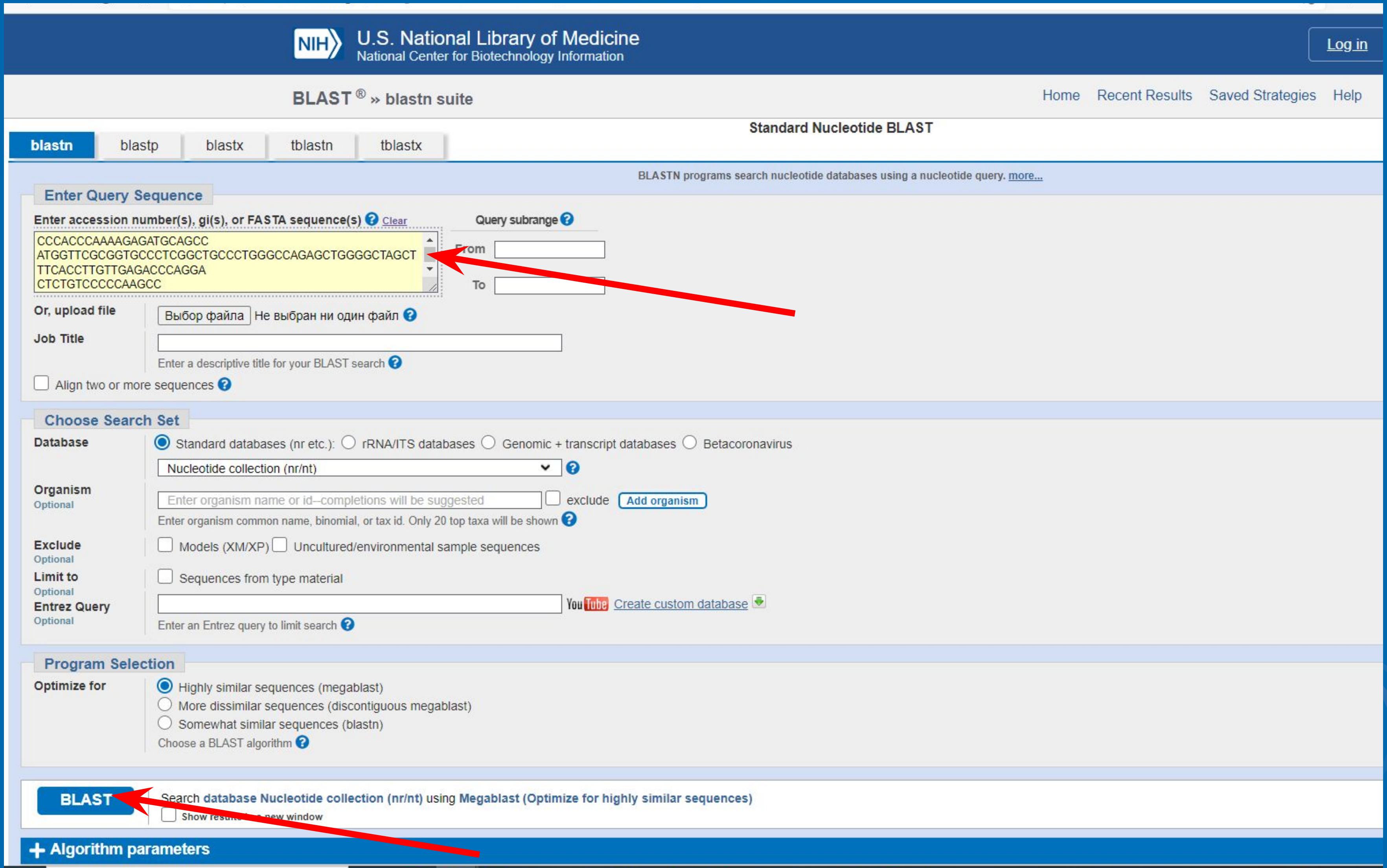
More about the INS gene

This gene encodes insulin, a peptide hormone that plays a vital role in the regulation of carbohydrate and lipid metabolism. After removal o...

Also Known As: IDDM, IDDM1, IDDM2, ILP...

Задача 2

2. С помощью программы blastn найти в нуклеотидном виде гомологи этой последовательности



Standard Nucleotide BLAST

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. more...

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) Clear

```
CCCACCCAAAAGAGATGCAGCC
ATGGTTCGCGGTGCCCTCGGCTGCCCTGGCCAGAGCTGGGGCTAGCT
TTCACCTTGTTGAGACCCAGGA
CTCTGTCCCCCAAGCC
```

Query subrange

From

To

Or, upload file: Выбор файла Не выбран ни один файл

Job Title: Enter a descriptive title for your BLAST search

☐ Align two or more sequences

Choose Search Set

Database: ● Standard databases (nr etc.): ○ rRNA/ITS databases ○ Genomic + transcript databases ○ Betacoronavirus

Nucleotide collection (nr/nt)

Organism (Optional): Enter organism name or id--completions will be suggested ☐ exclude Add organism

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown

Exclude (Optional): ☐ Models (XM/XP) ☐ Uncultured/environmental sample sequences

Limit to (Optional): ☐ Sequences from type material

Entrez Query (Optional): YouTube Create custom database

Enter an Entrez query to limit search

Program Selection

Optimize for:

- ● Highly similar sequences (megablast)
- ○ More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
- ○ Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm

BLAST Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

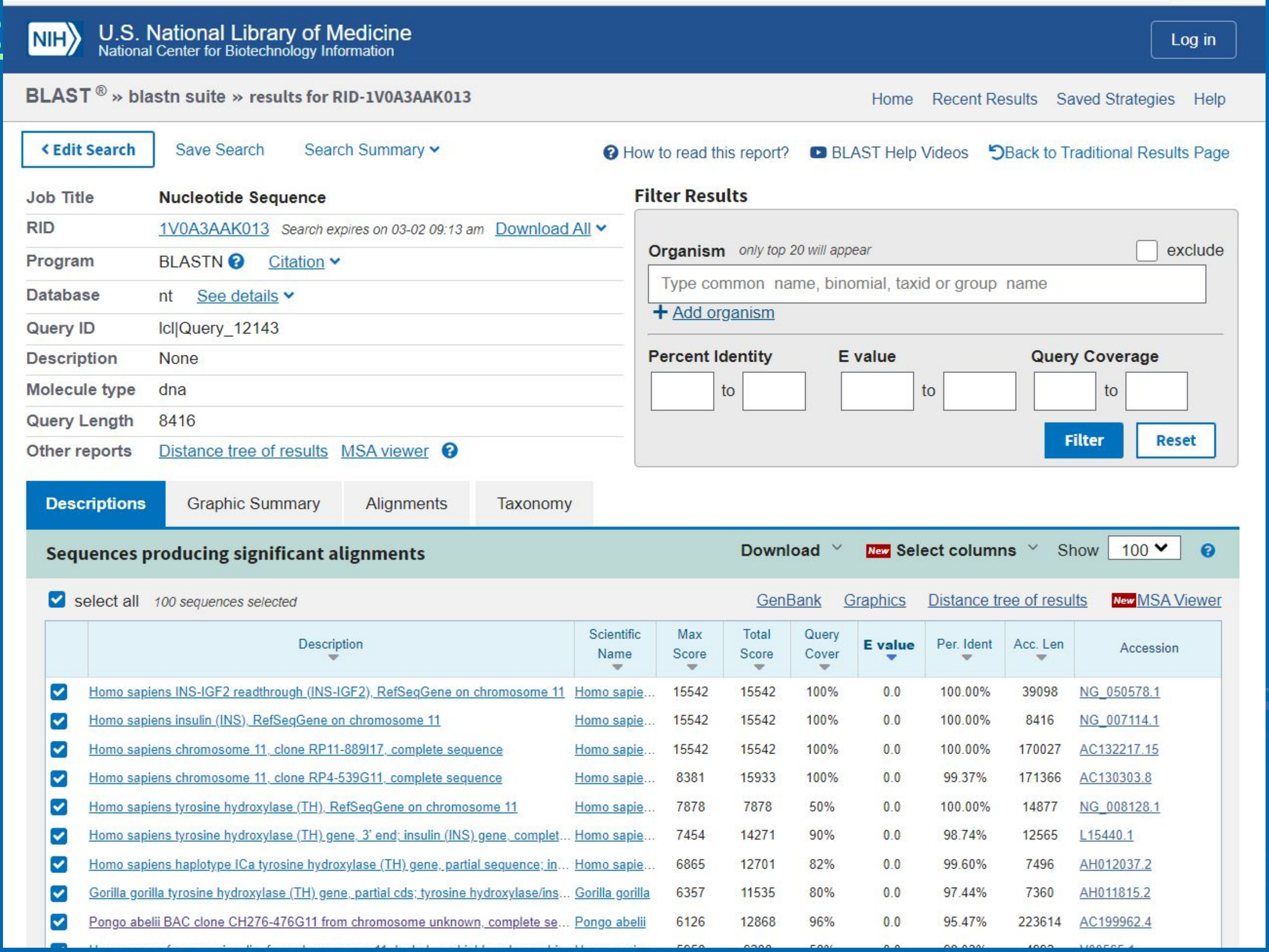
☐ Show results in a new window

+ Algorithm parameters

Задача 2

2. С помощью программы blastn найти в нуклеотидном виде гомологи этой последовательности

https:



BLAST ® » blastn suite » results for RID-1V0A3AAK013

Job Title	Nucleotide Sequence
RID	1V0A3AAK013 *Search expires on 03-02 09:13 am* Download All
Program	BLASTN Citation
Database	nt See details
Query ID	lcl|Query_12143
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	8416
Other reports	Distance tree of results MSA viewer

Filter Results

Organism *only top 20 will appear* ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

+ Add organism

Percent Identity ☐ to ☐ E value ☐ to ☐ Query Coverage ☐ to ☐

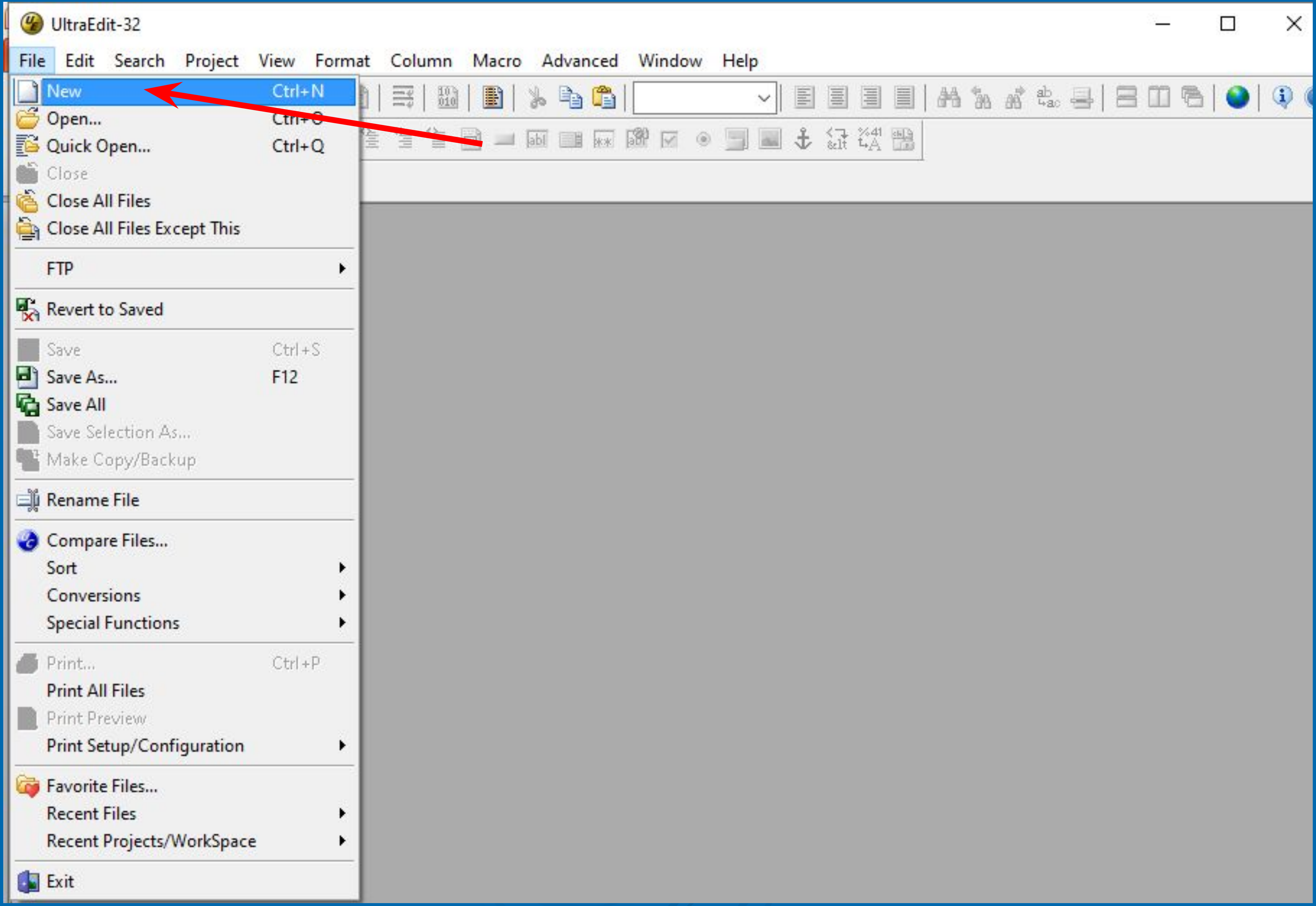
Sequences producing significant alignments

☑ select all *100 sequences selected*

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11	Homo sapie...	15542	15542	100%	0.0	100.00%	39098	NG_050578.1
☑	Homo sapiens insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11	Homo sapie...	15542	15542	100%	0.0	100.00%	8416	NG_007114.1
☑	Homo sapiens chromosome 11, clone RP11-889I17, complete sequence	Homo sapie...	15542	15542	100%	0.0	100.00%	170027	AC132217.15
☑	Homo sapiens chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence	Homo sapie...	8381	15933	100%	0.0	99.37%	171366	AC130303.8
☑	Homo sapiens tyrosine hydroxylase (TH), RefSeqGene on chromosome 11	Homo sapie...	7878	7878	50%	0.0	100.00%	14877	NG_008128.1
☑	Homo sapiens tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complet...	Homo sapie...	7454	14271	90%	0.0	98.74%	12565	L15440.1
☑	Homo sapiens haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; in...	Homo sapie...	6865	12701	82%	0.0	99.60%	7496	AH012037.2
☑	Gorilla gorilla tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial cds; tyrosine hydroxylase/ins...	Gorilla gorilla	6357	11535	80%	0.0	97.44%	7360	AH011815.2
☑	Pongo abelii BAC clone CH276-476G11 from chromosome unknown, complete se...	Pongo abelii	6126	12868	96%	0.0	95.47%	223614	AC199962.4

Задача 2

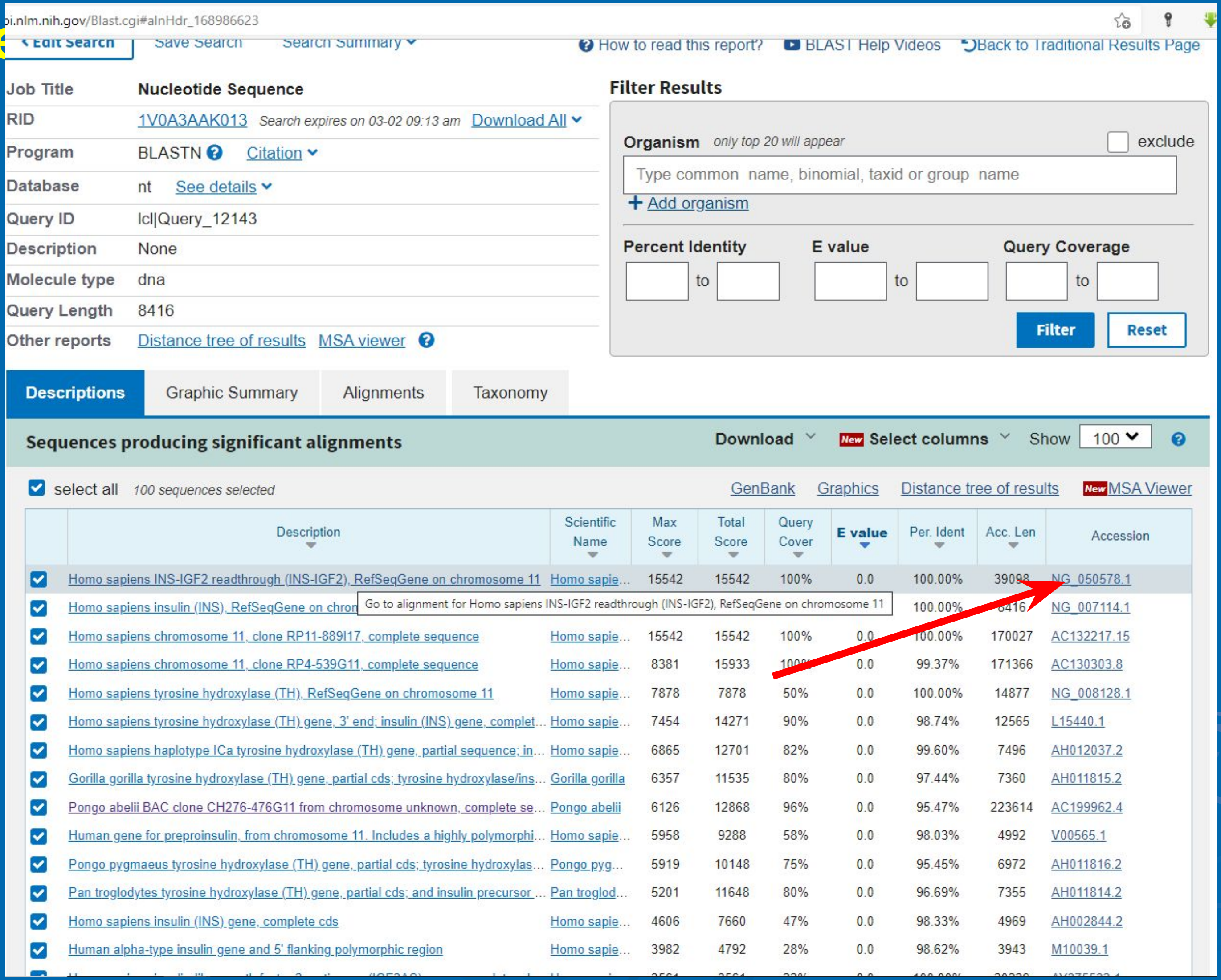
3. Открыть новый файл в программе UltraEdit



Задача 2

4. Выбрать среди найденных гомологов несколько от пяти разных видов организмов (*Homo sapiens, Gorilla gorilla* и т.д.)

5. Открыть их нуклеотидную последовательность в формате



Job Title	Nucleotide Sequence
RID	1V0A3AAK013 Search expires on 03-02 09:13 am Download All
Program	BLASTN Citation
Database	nt See details
Query ID	lcl|Query_12143
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	8416
Other reports	Distance tree of results MSA viewer

Filter Results

Organism *only top 20 will appear* ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

+ Add organism

Percent Identity ___ to ___ E value ___ to ___ Query Coverage ___ to ___

Sequences producing significant alignments

☑ select all *100 sequences selected*

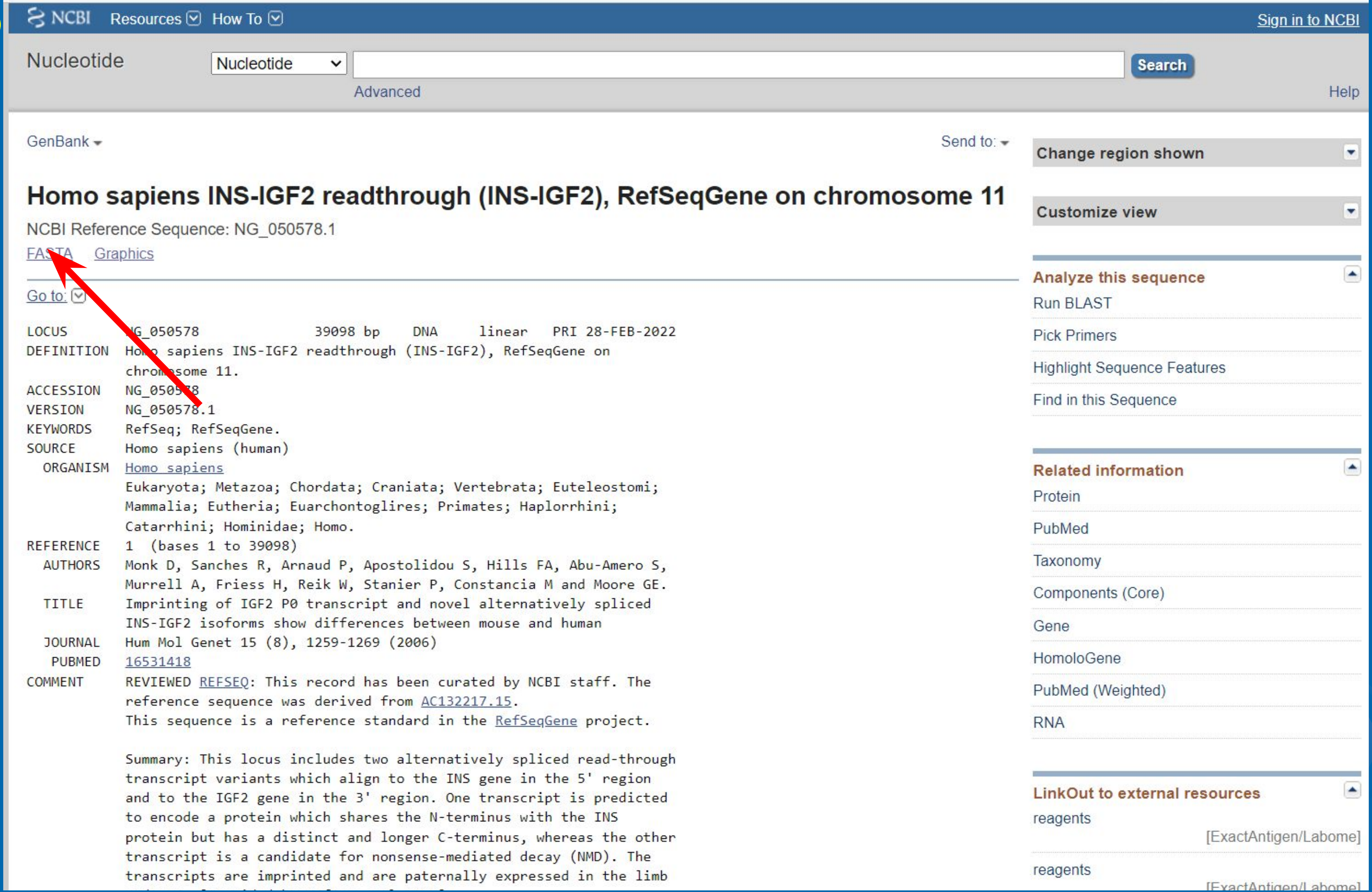
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11	Homo sapie...	15542	15542	100%	0.0	100.00%	39098	NG_050578.1
☑	Homo sapiens insulin (INS), RefSeqGene on chrom						100.00%	8416	NG_007114.1
☑	Homo sapiens chromosome 11, clone RP11-889I17, complete sequence	Homo sapie...	15542	15542	100%	0.0	100.00%	170027	AC132217.15
☑	Homo sapiens chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence	Homo sapie...	8381	15933	100%	0.0	99.37%	171366	AC130303.8
☑	Homo sapiens tyrosine hydroxylase (TH), RefSeqGene on chromosome 11	Homo sapie...	7878	7878	50%	0.0	100.00%	14877	NG_008128.1
☑	Homo sapiens tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complet...	Homo sapie...	7454	14271	90%	0.0	98.74%	12565	L15440.1
☑	Homo sapiens haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; in...	Homo sapie...	6865	12701	82%	0.0	99.60%	7496	AH012037.2
☑	Gorilla gorilla tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial cds; tyrosine hydroxylase/ins...	Gorilla gorilla	6357	11535	80%	0.0	97.44%	7360	AH011815.2
☑	Pongo abelii BAC clone CH276-476G11 from chromosome unknown, complete se...	Pongo abelii	6126	12868	96%	0.0	95.47%	223614	AC199962.4
☑	Human gene for preproinsulin, from chromosome 11. Includes a highly polymorphi...	Homo sapie...	5958	9288	58%	0.0	98.03%	4992	V00565.1
☑	Pongo pygmaeus tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial cds; tyrosine hydroxylas...	Pongo pyg...	5919	10148	75%	0.0	95.45%	6972	AH011816.2
☑	Pan troglodytes tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial cds; and insulin precursor ...	Pan troglod...	5201	11648	80%	0.0	96.69%	7355	AH011814.2
☑	Homo sapiens insulin (INS) gene, complete cds	Homo sapie...	4606	7660	47%	0.0	98.33%	4969	AH002844.2
☑	Human alpha-type insulin gene and 5' flanking polymorphic region	Homo sapie...	3982	4792	28%	0.0	98.62%	3943	M10039.1

Go to alignment for Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11

Задача 2

4. Выбрать среди найденных гомологов несколько от пяти разных видов организмов (*Homo sapiens, Gorilla gorilla* и т.д.)

5. Открыть их нуклеотидную последовательность в фо



Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11

NCBI Reference Sequence: NG_050578.1

FASTA Graphics

Go to:

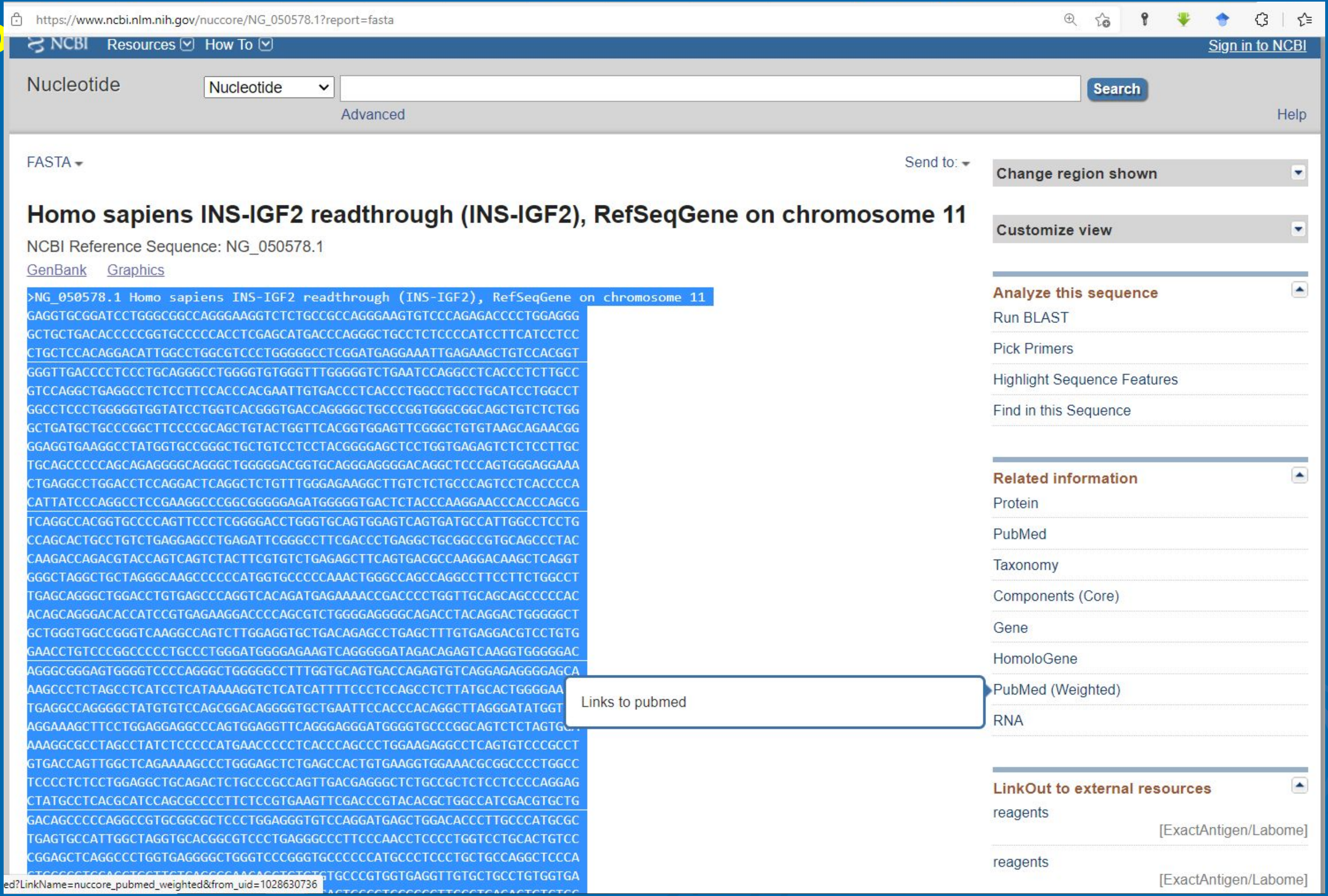
```
LOCUS       NG_050578             39098 bp    DNA     linear   PRI 28-FEB-2022
DEFINITION  Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on
            chromosome 11.
ACCESSION   NG_050578
VERSION     NG_050578.1
KEYWORDS    RefSeq; RefSeqGene.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini;
            Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 39098)
  AUTHORS   Monk D, Sanches R, Arnaud P, Apostolidou S, Hills FA, Abu-Amero S,
            Murrell A, Friess H, Reik W, Stanier P, Constancia M and Moore GE.
  TITLE     Imprinting of IGF2 P0 transcript and novel alternatively spliced
            INS-IGF2 isoforms show differences between mouse and human
  JOURNAL   Hum Mol Genet 15 (8), 1259-1269 (2006)
   PUBMED   16531418
COMMENT     REVIEWED REFSEQ: This record has been curated by NCBI staff. The
            reference sequence was derived from AC132217.15.
            This sequence is a reference standard in the RefSeqGene project.

            Summary: This locus includes two alternatively spliced read-through
            transcript variants which align to the INS gene in the 5' region
            and to the IGF2 gene in the 3' region. One transcript is predicted
            to encode a protein which shares the N-terminus with the INS
            protein but has a distinct and longer C-terminus, whereas the other
            transcript is a candidate for nonsense-mediated decay (NMD). The
            transcripts are imprinted and are paternally expressed in the limb
```

Задача 2

4. Выбрать среди найденных гомологов несколько от пяти разных видов организмов (*Homo sapiens, Gorilla gorilla* и т.д.)

5. Открыть их нуклеотидную последовательность в

фор



Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11

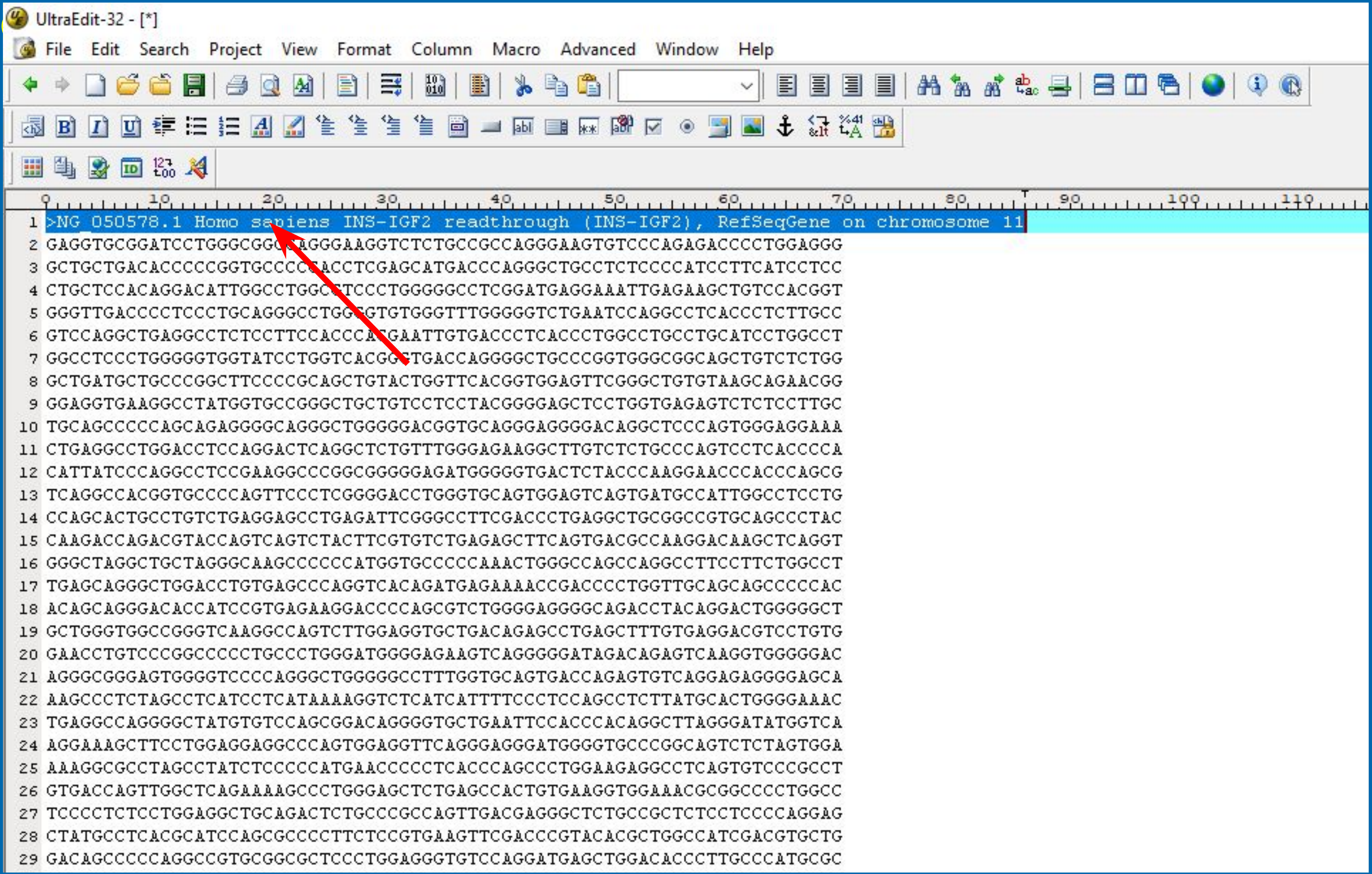
NCBI Reference Sequence: NG_050578.1

GenBank Graphics

```
>NG_050578.1 Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11
GAGGTGCGGATCCTGGGCGGCCAGGGAAGGTCTCTGCCGCCAGGGAAGTGTCCCAGAGACCCCTGGAGGG
GCTGCTGACACCCCCGGTGCCCCCACCTCGAGCATGACCCAGGGCTGCCTCTCCCCATCCTTCATCCTCC
CTGCTCCACAGGACATTGGCCTGGCGTCCCTGGGGGCCTCGGATGAGGAAATTGAGAAGCTGTCCACGGT
GGGTTGACCCCTCCCTGCAGGGCCTGGGGTGTGGGTTTGGGGGTCTGAATCCAGGCCTCACCCTCTTGCC
GTCCAGGCTGAGGCCTCTCCTTCCACCCACGAATTGTGACCCTCACCCTGGCCTGCCTGCATCCTGGCCT
GGCCTCCCTGGGGGTGGTATCCTGGTCACGGGTGACCAGGGGCTGCCCGGTGGGCGGCAGCTGTCTCTGG
GCTGATGCTGCCCGGCTTCCCCGCAGCTGTACTGGTTCACGGTGGAGTTCGGGCTGTGTAAGCAGAACGG
GGAGGTGAAGGCCTATGGTGCCGGGCTGCTGTCCTCCTACGGGGAGCTCCTGGTGAGAGTCTCTCCTTGC
TGCAGCCCCCAGCAGAGGGGCAGGGCTGGGGGACGGTGCAGGGAGGGGACAGGCTCCCAGTGGGAGGAAA
CTGAGGCCTGGACCTCCAGGACTCAGGCTCTGTTTGGGAGAAGGCTTGTCTCTGCCCAGTCCTCACCCCA
CATTATCCCAGGCCTCCGAAGGCCCGGCGGGGGAGATGGGGGTGACTCTACCCAAGGAACCCACCCAGCG
TCAGGCCACGGTGCCCCAGTTCCCTCGGGGACCTGGGTGCAGTGGAGTCAGTGATGCCATTGGCCTCCTG
CCAGCACTGCCTGTCTGAGGAGCCTGAGATTCGGGCCTTCGACCCTGAGGCTGCGGCCGTGCAGCCCTAC
CAAGACCAGACGTACCAGTCAGTCTACTTCGTGTCTGAGAGCTTCAGTGACGCCAAGGACAAGCTCAGGT
GGGCTAGGCTGCTAGGGCAAGCCCCCCATGGTGCCCCCAAACTGGGCCAGCCAGGCCTTCCTTCTGGCCT
TGAGCAGGGCTGGACCTGTGAGCCCAGGTCACAGATGAGAAAACCGACCCCTGGTTGCAGCAGCCCCCAC
ACAGCAGGGACACCATCCGTGAGAAGGACCCCAGCGTCTGGGGAGGGGCAGACCTACAGGACTGGGGGCT
GCTGGGTGGCCGGGTCAAGGCCAGTCTTGGAGGTGCTGACAGAGCCTGAGCTTTGTGAGGACGTCCTGTG
GAACCTGTCCCGGCCCCCTGCCCTGGGATGGGGAGAAGTCAGGGGGATAGACAGAGTCAAGGTGGGGGAC
AGGGCGGGAGTGGGGTCCCCAGGGCTGGGGGCCTTTGGTGCAGTGACCAGAGTGTCAGGAGAGGGGAGCA
AAGCCCTCTAGCCTCATCCTCATAAAAGGTCTCATCATTTTCCCTCCAGCCTCTTATGCACTGGGGAA
TGAGGCCAGGGGCTATGTGTCCAGCGGACAGGGGTGCTGAATTCCACCCACAGGCTTAGGGATATGGT
AGGAAAGCTTCCTGGAGGAGGCCCAGTGGAGGTTCAGGGAGGGATGGGGTGCCCGGCAGTCTCTAGTG
AAAGGCGCCTAGCCTATCTCCCCCATGAACCCCCTCACCCAGCCCTGGAAGAGGCCTCAGTGTCCCGCCT
GTGACCAGTTGGCTCAGAAAAGCCCTGGGAGCTCTGAGCCACTGTGAAGGTGGAAACGCGGCCCCTGGCC
TCCCCTCTCCTGGAGGCTGCAGACTCTGCCCGCCAGTTGACGAGGGCTCTGCCGCTCTCCTCCCCAGGAG
CTATGCCTCACGCATCCAGCGCCCCTTCTCCGTGAAGTTCGACCCGTACACGCTGGCCATCGACGTGCTG
GACAGCCCCCAGGCCGTGCGGCGCTCCCTGGAGGGTGTCCAGGATGAGCTGGACACCCTTGCCCATGCGC
TGAGTGCCATTGGCTAGGTGCACGGCGTCCCTGAGGGCCCTTCCCAACCTCCCCTGGTCCTGCACTGTCC
CGGAGCTCAGGCCCTGGTGAGGGGCTGGGTCCCGGGTGCCCCCCATGCCCTCCCTGCTGCCAGGCTCCCA
GTGCCCGTGGTGAGGTTGTGCTGCCTGTGGTGA
```

Задача 2

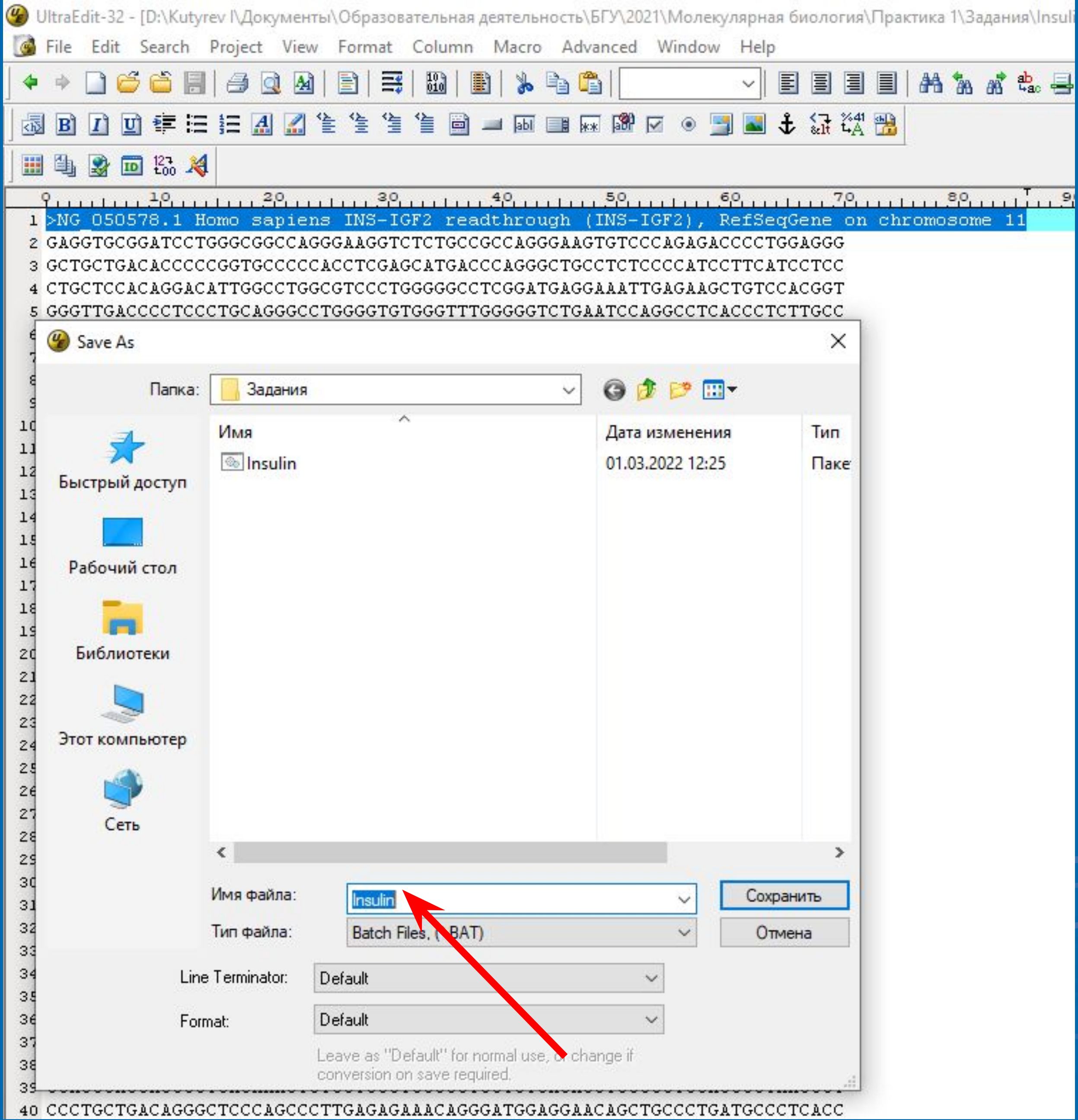
6. Копировать последовательности в созданный файл вместе со спец. символом “>” и названием (требования



```
>NG_050578.1 Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11
GAGGTGCGGATCCTGGGCGGC[illegible]AGGGAAGGTCTCTGCCGCCAGGGAAGTGTCCCAGAGACCCCTGGAGGG
GCTGCTGACACCCCCGGTGCCCCC[illegible]ACCTCGAGCATGACCCAGGGCTGCCTCTCCCCATCCTTCATCCTCC
CTGCTCCACAGGACATTGGCCTGGC[illegible]TCCCTGGGGGCCTCGGATGAGGAAATTGAGAAGCTGTCCACGGT
GGGTTGACCCCTCCCTGCAGGGCCTGG[illegible]GTGTGGGTTTGGGGGTCTGAATCCAGGCCTCACCCTCTTGCC
GTCCAGGCTGAGGCCTCTCCTTCCACCCA[illegible]GAATTGTGACCCTCACCCTGGCCTGCCTGCATCCTGGCCT
GGCCTCCCTGGGGGTGGTATCCTGGTCACGG[illegible]TGACCAGGGGCTGCCCGGTGGGCGGCAGCTGTCTCTGG
GCTGATGCTGCCCGGCTTCCCCGCAGCTGTACTGGTTCACGGTGGAGTTCGGGCTGTGTAAGCAGAACGG
GGAGGTGAAGGCCTATGGTGCCGGGCTGCTGTCCTCCTACGGGGAGCTCCTGGTGAGAGTCTCTCCTTGC
TGCAGCCCCCAGCAGAGGGGCAGGGCTGGGGGACGGTGCAGGGAGGGGACAGGCTCCCAGTGGGAGGAAA
CTGAGGCCTGGACCTCCAGGACTCAGGCTCTGTTTGGGAGAAGGCTTGTCTCTGCCCAGTCCTCACCCCA
CATTATCCCAGGCCTCCGAAGGCCCGGCGGGGGAGATGGGGGTGACTCTACCCAAGGAACCCACCCAGCG
TCAGGCCACGGTGCCCCAGTTCCCTCGGGGACCTGGGTGCAGTGGAGTCAGTGATGCCATTGGCCTCCTG
CCAGCACTGCCTGTCTGAGGAGCCTGAGATTCGGGCCTTCGACCCTGAGGCTGCGGCCGTGCAGCCCTAC
CAAGACCAGACGTACCAGTCAGTCTACTTCGTGTCTGAGAGCTTCAGTGACGCCAAGGACAAGCTCAGGT
GGGCTAGGCTGCTAGGGCAAGCCCCCCATGGTGCCCCCAAACTGGGCCAGCCAGGCCTTCCTTCTGGCCT
TGAGCAGGGCTGGACCTGTGAGCCCAGGTCACAGATGAGAAAACCGACCCCTGGTTGCAGCAGCCCCCAC
ACAGCAGGGACACCATCCGTGAGAAGGACCCCAGCGTCTGGGGAGGGGCAGACCTACAGGACTGGGGGCT
GCTGGGTGGCCGGGTCAAGGCCAGTCTTGGAGGTGCTGACAGAGCCTGAGCTTTGTGAGGACGTCCTGTG
GAACCTGTCCCGGCCCCCTGCCCTGGGATGGGGAGAAGTCAGGGGGATAGACAGAGTCAAGGTGGGGGAC
AGGGCGGGAGTGGGGTCCCCAGGGCTGGGGGCCTTTGGTGCAGTGACCAGAGTGTCAGGAGAGGGGAGCA
AAGCCCTCTAGCCTCATCCTCATAAAAGGTCTCATCATTTTCCCTCCAGCCTCTTATGCACTGGGGAAAC
TGAGGCCAGGGGCTATGTGTCCAGCGGACAGGGGTGCTGAATTCCACCCACAGGCTTAGGGATATGGTCA
AGGAAAGCTTCCTGGAGGAGGCCCAGTGGAGGTTCAGGGAGGGATGGGGTGCCCGGCAGTCTCTAGTGGA
AAAGGCGCCTAGCCTATCTCCCCCATGAACCCCCTCACCCAGCCCTGGAAGAGGCCTCAGTGTCCCGCCT
GTGACCAGTTGGCTCAGAAAAGCCCTGGGAGCTCTGAGCCACTGTGAAGGTGGAAACGCGGCCCCTGGCC
TCCCCTCTCCTGGAGGCTGCAGACTCTGCCCGCCAGTTGACGAGGGCTCTGCCGCTCTCCTCCCCAGGAG
CTATGCCTCACGCATCCAGCGCCCCTTCTCCGTGAAGTTCGACCCGTACACGCTGGCCATCGACGTGCTG
GACAGCCCCCAGGCCGTGCGGCGCTCCCTGGAGGGTGTCCAGGATGAGCTGGACACCCTTGCCCATGCGC
```

Задача 2

7. Сохранить файл под названием Insulin



UltraEdit-32 - [D:\Kutyrev I\Документы\Образовательная деятельность\БГУ\2021\Молекулярная биология\Практика 1\Задания\Insul

```
>NG 050578.1 Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11
GAGGTGCGGATCCTGGGCGGCCAGGGAAGGTCTCTGCCGCCAGGGAAGTGTCCCAGAGACCCCTGGAGGG
GCTGCTGACACCCCCGGTGCCCCCACCTCGAGCATGACCCAGGGCTGCCTCTCCCCATCCTTCATCCTCC
CTGCTCCACAGGACATTGGCCTGGCGTCCCTGGGGGCCTCGGATGAGGAAATTGAGAAGCTGTCCACGGT
GGGTTGACCCCTCCCTGCAGGGCCTGGGGTGTGGGTTTGGGGGTCTGAATCCAGGCCTCACCCTCTTGCC
CCCTGCTGACAGGGCTCCCAGCCCTTGAGAGAAACAGGATGGAGGAACAGCTGCCCTGATGCCCTCACC
```

Save As

Папка: Задания

Имя	Дата изменения	Тип
Insulin	01.03.2022 12:25	Паке

Имя файла: Insulin

Тип файла: Batch Files, (*.BAT)

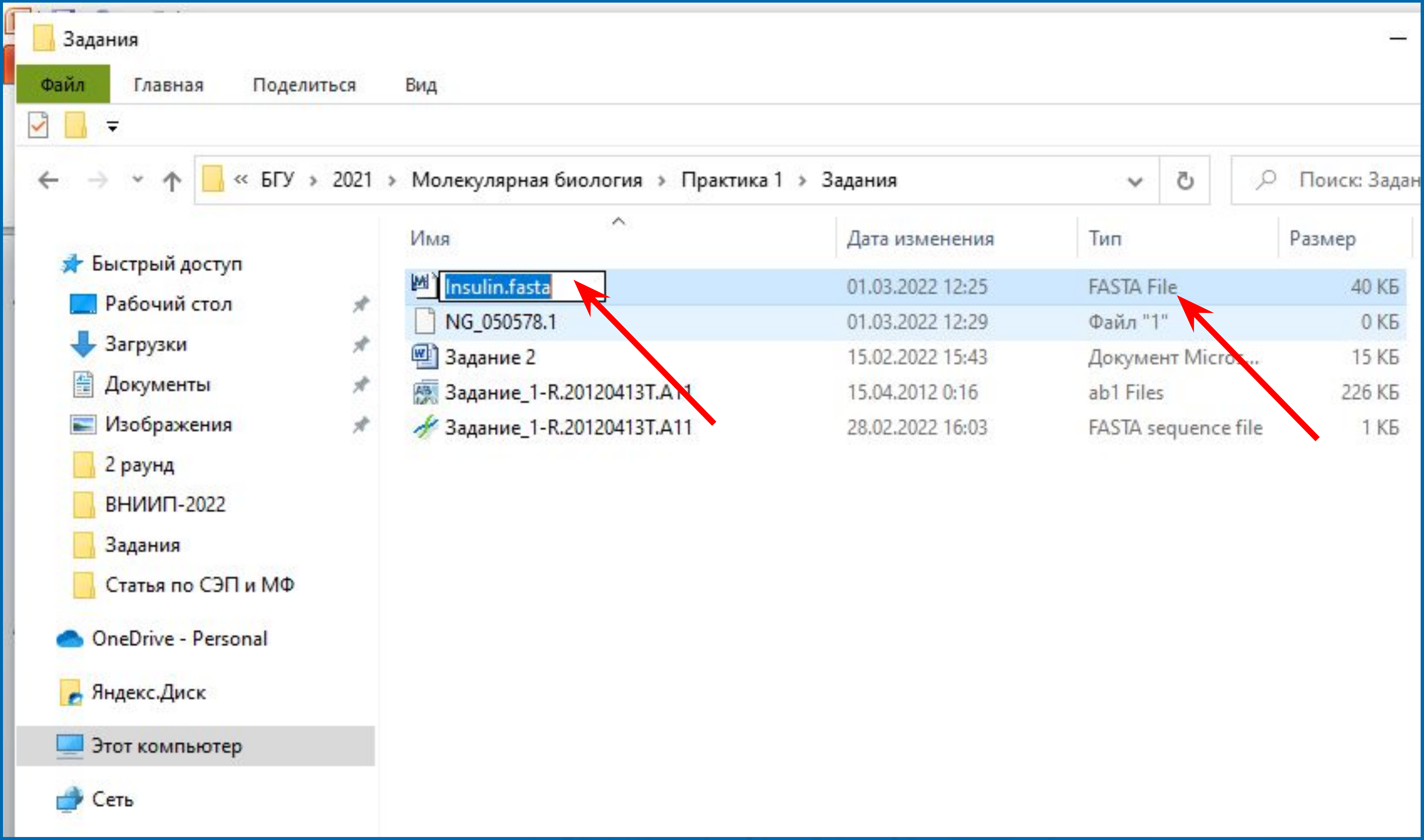
Line Terminator: Default

Format: Default

Leave as "Default" for normal use, or change if conversion on save required.

Задача 2

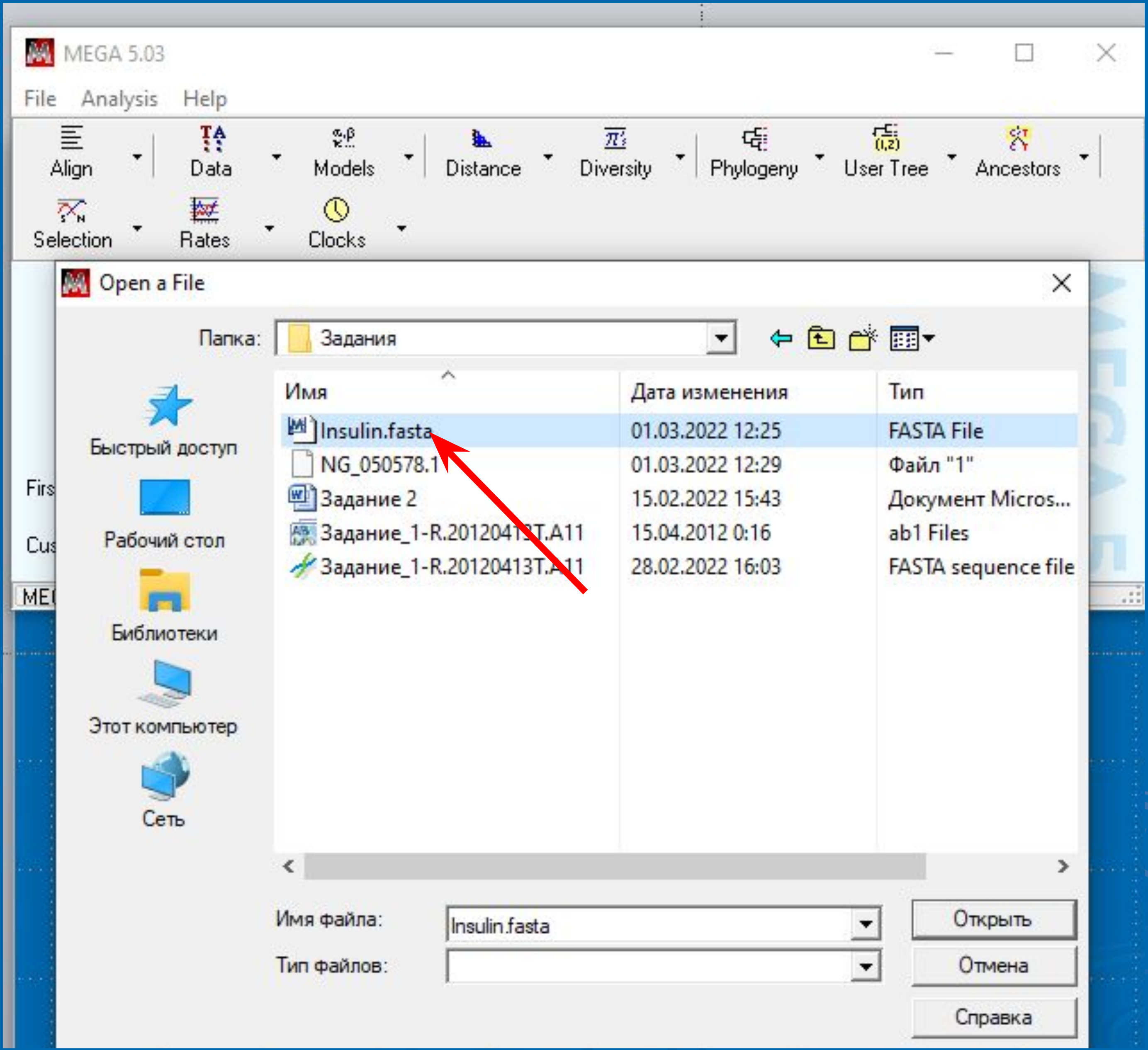
7. Заходим в папку, где сохранили файл, сохраняем его с расширением .fasta, т.е. как insulin.fasta



Имя	Дата изменения	Тип	Размер
Insulin.fasta	01.03.2022 12:25	FASTA File	40 КБ
NG_050578.1	01.03.2022 12:29	Файл "1"	0 КБ
Задание 2	15.02.2022 15:43	Документ Micros...	15 КБ
Задание_1-R.20120413T.A11	15.04.2012 0:16	ab1 Files	226 КБ
Задание_1-R.20120413T.A11	28.02.2022 16:03	FASTA sequence file	1 КБ

Задача 2

8. Открыть файл с помощью программы MEGA5



Папка: Задания

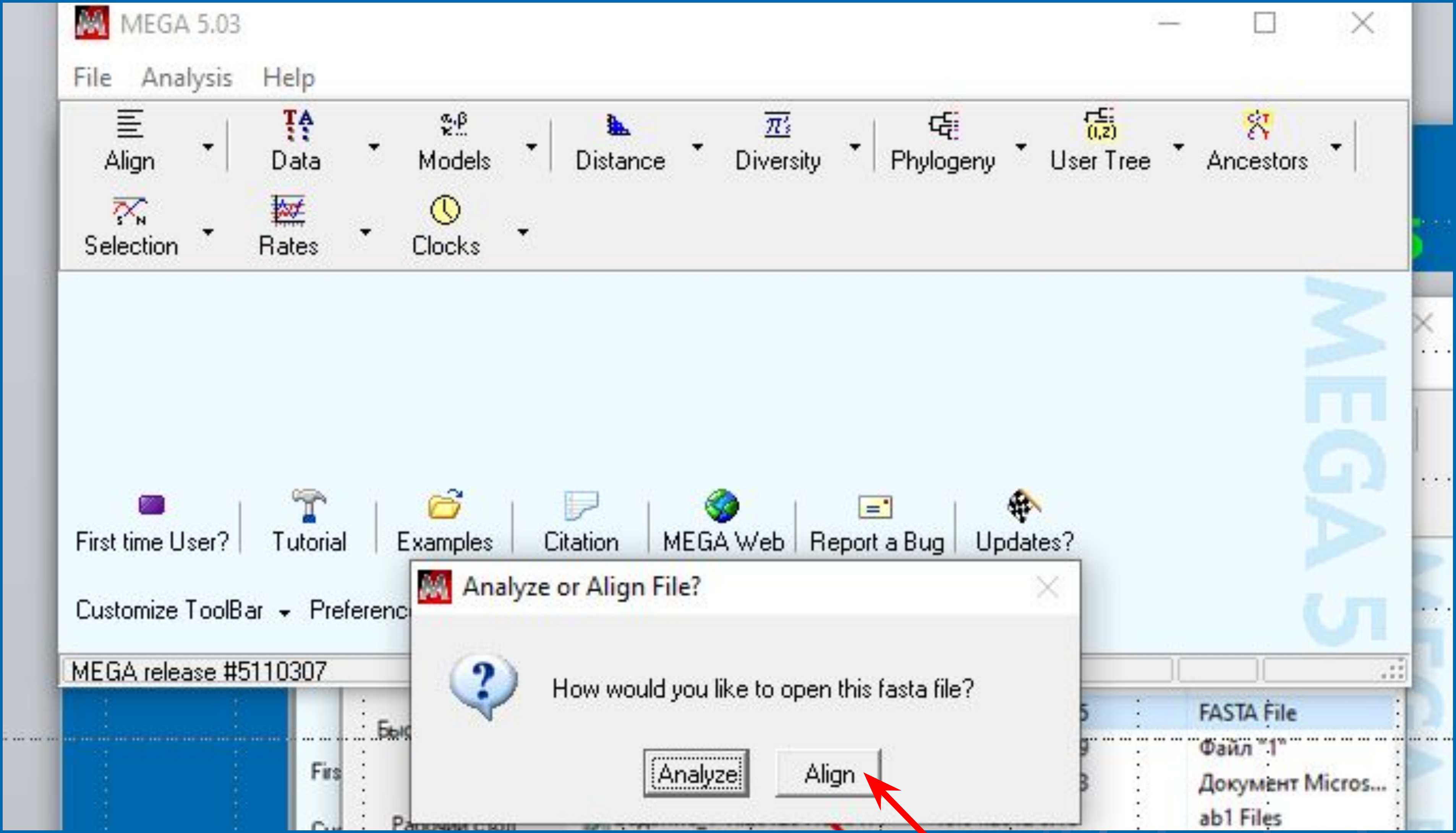
Имя	Дата изменения	Тип
Insulin.fasta	01.03.2022 12:25	FASTA File
NG_050578.1	01.03.2022 12:29	Файл "1"
Задание 2	15.02.2022 15:43	Документ Micros...
Задание_1-R.20120413T.A11	15.04.2012 0:16	ab1 Files
Задание_1-R.20120413T.A11	28.02.2022 16:03	FASTA sequence file

Имя файла: Insulin.fasta

Тип файлов:

Задача 2

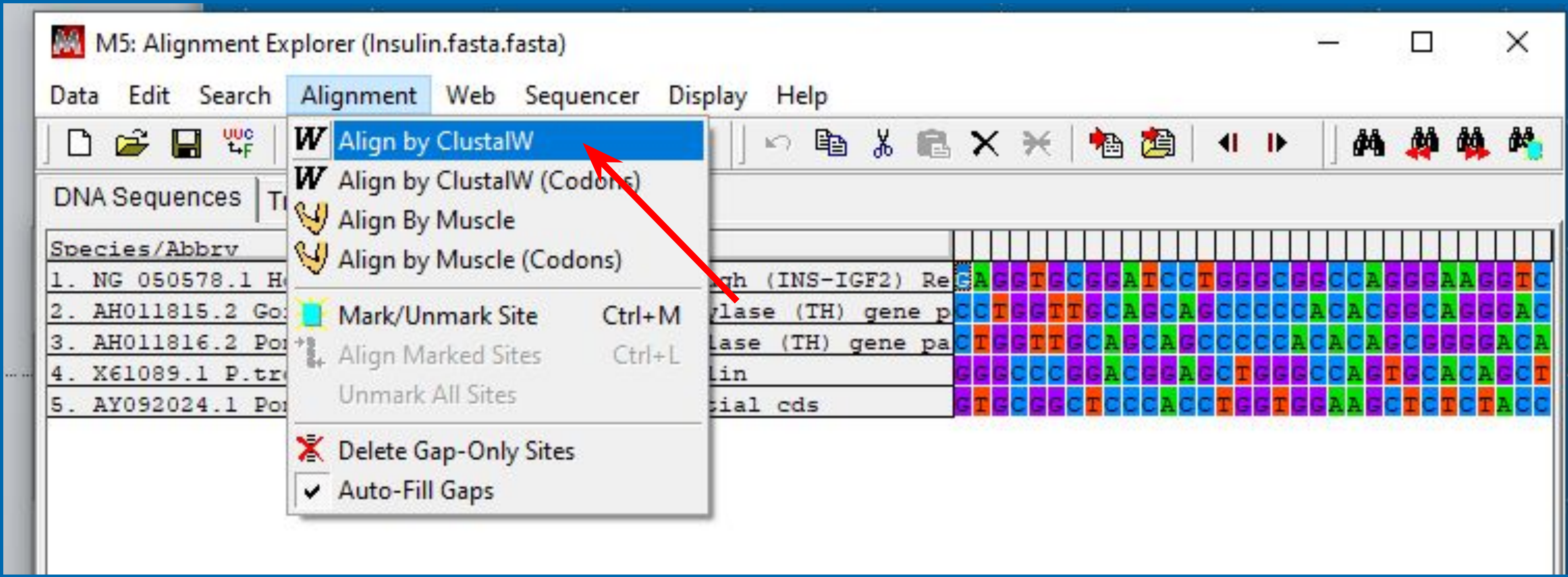
8. Выровнять последовательности в программе



How would you like to open this fasta file?

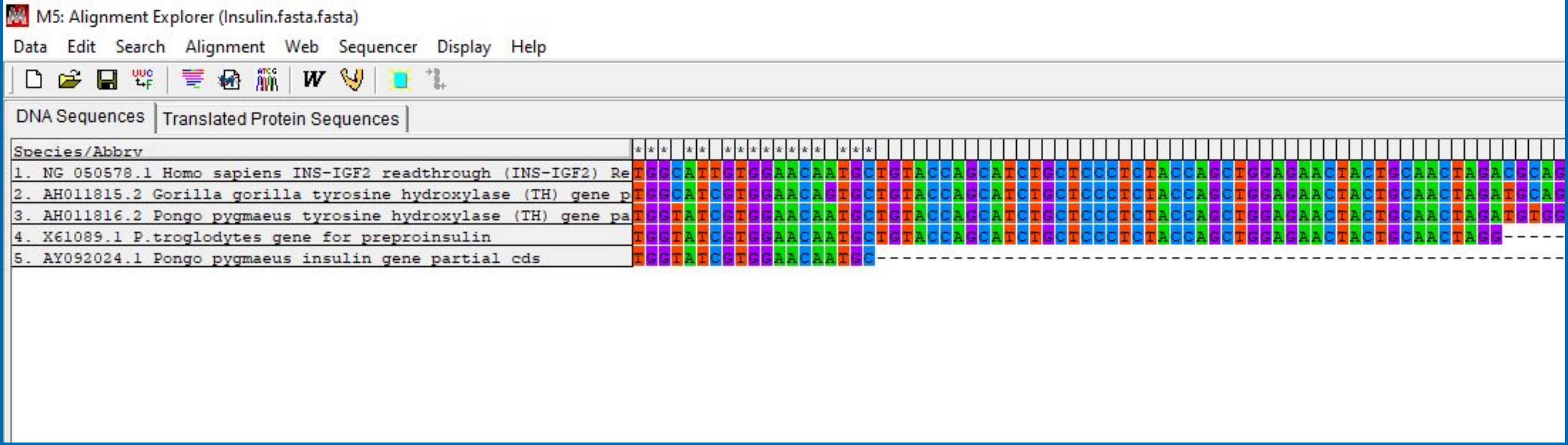
Задача 2

8. Выровнять последовательности в программе MEGA5



Задача 2

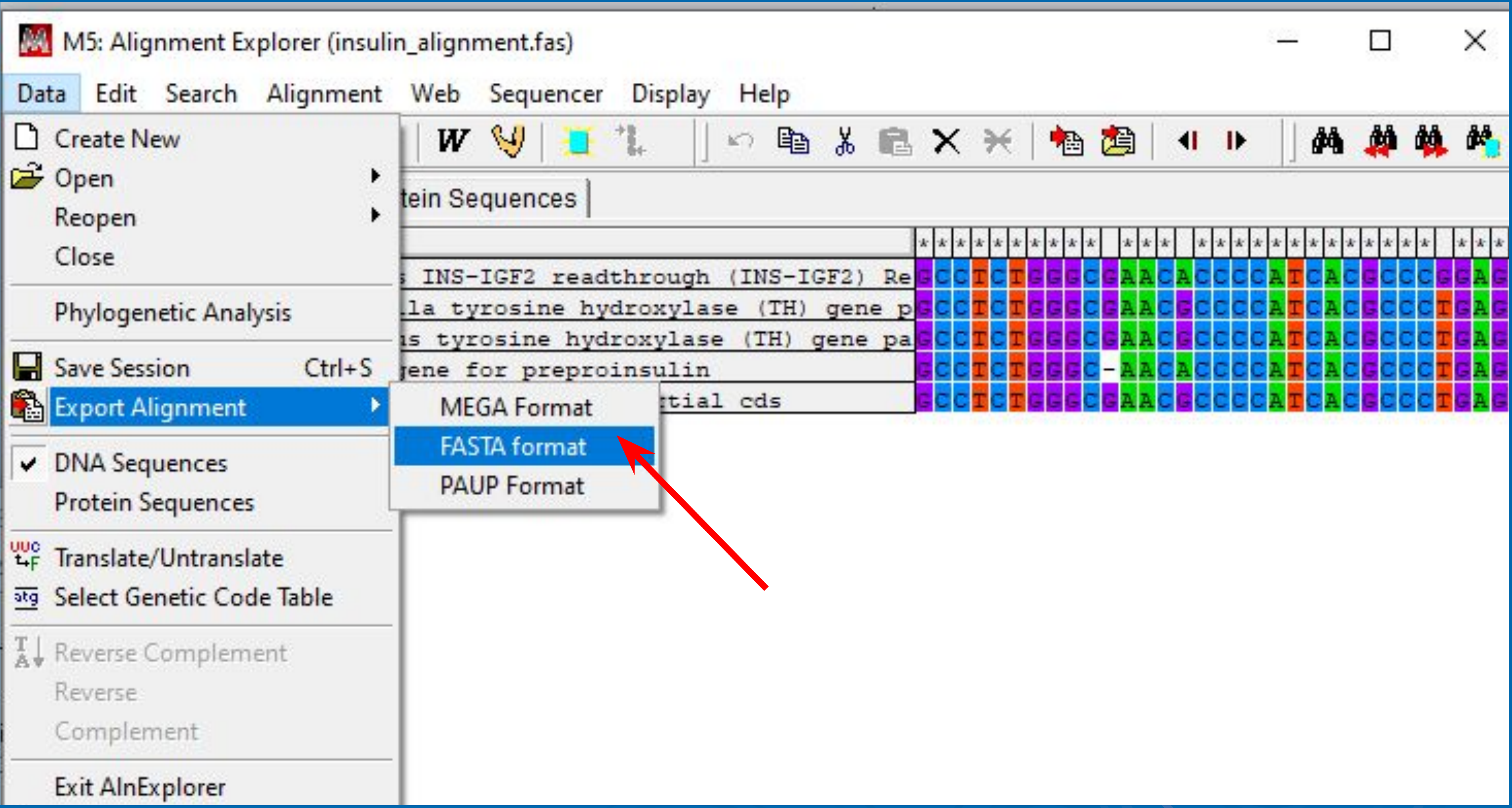
8. Выровнять последовательности в программе MEGA5



```
Species/Abbrv                                                        *** **  ******** ***
1. NG 050578.1 Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2) Re TGGCATTGTGGAACAATGCTGTACCAGCATCTGCTCCCTCTACCAGCTGGAGAACTACTGCAACTAGACGCAG
2. AH011815.2 Gorilla gorilla tyrosine hydroxylase (TH) gene p TGGCATCGTGGAACAGTGCTGTACCAGCATCTGCTCCCTCTACCAGCTGGAGAACTACTGCAACTAGATGCAG
3. AH011816.2 Pongo pygmaeus tyrosine hydroxylase (TH) gene pa TGGTATCGTGGAACAATGCTGTACCAGCATCTGCTCCCTCTACCAGCTGGAGAACTACTGCAACTAGATGTGG
4. X61089.1 P.troglodytes gene for preproinsulin               TGGTATCGTGGAACAATGCTGTACCAGCATCTGCTCCCTCTACCAGCTGGAGAACTACTGCAACTAGG------
5. AY092024.1 Pongo pygmaeus insulin gene partial cds         TGGTATCGTGGAACAATGC-------------------------------------------------------
```

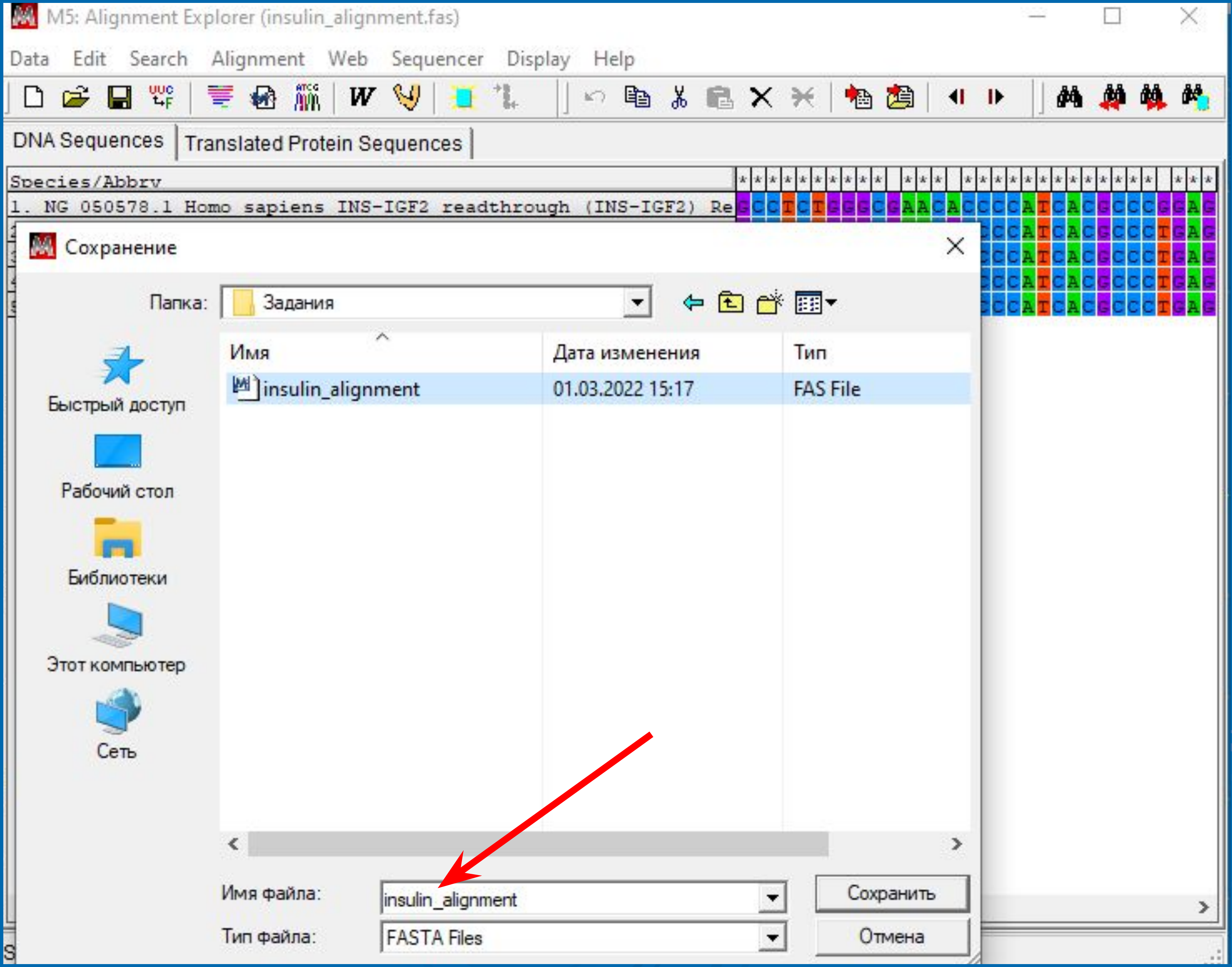
Задача 2

9. Сохранить выравнивание в файл с названием insulin_alignment в формате FASTA



Задача 2

9. Сохранить выравнивание в файл с названием insulin_alignment в формате FASTA



M5: Alignment Explorer (insulin_alignment.fas)

```
1. NG 050578.1 Homo sapiens INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2) Re GCCTCTGGGCGAACACCCCATCACGCCCGGAG
                                                                                CCCATCACGCCCTGAG
                                                                                CCCATCACGCCCTGAG
                                                                                CCCATCACGCCCTGAG
                                                                                CCCATCACGCCCTGAG
```

Сохранение

Папка: Задания

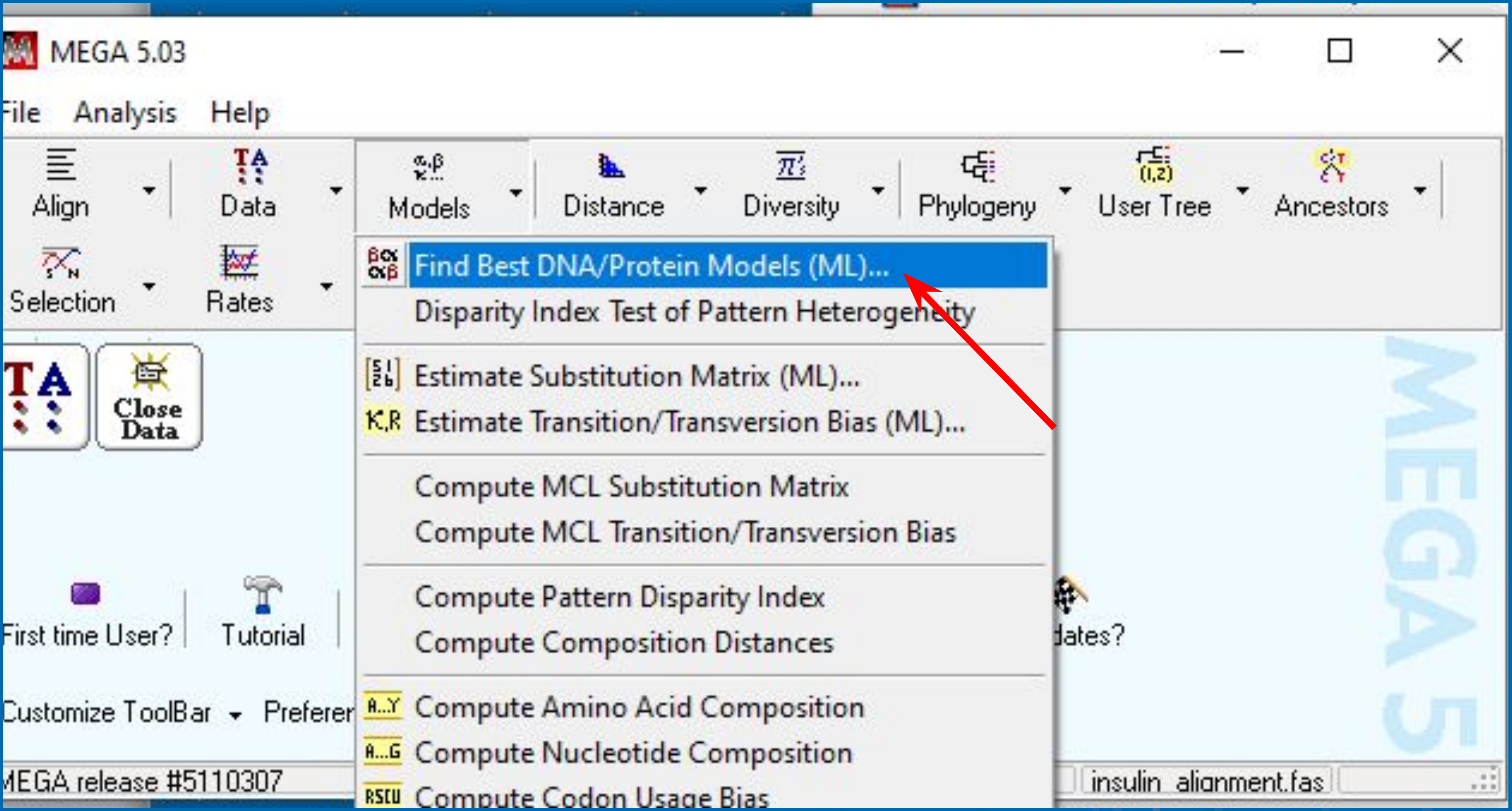
Имя	Дата изменения	Тип
insulin_alignment	01.03.2022 15:17	FAS File

Имя файла: insulin_alignment

Тип файла: FASTA Files

Задача 2

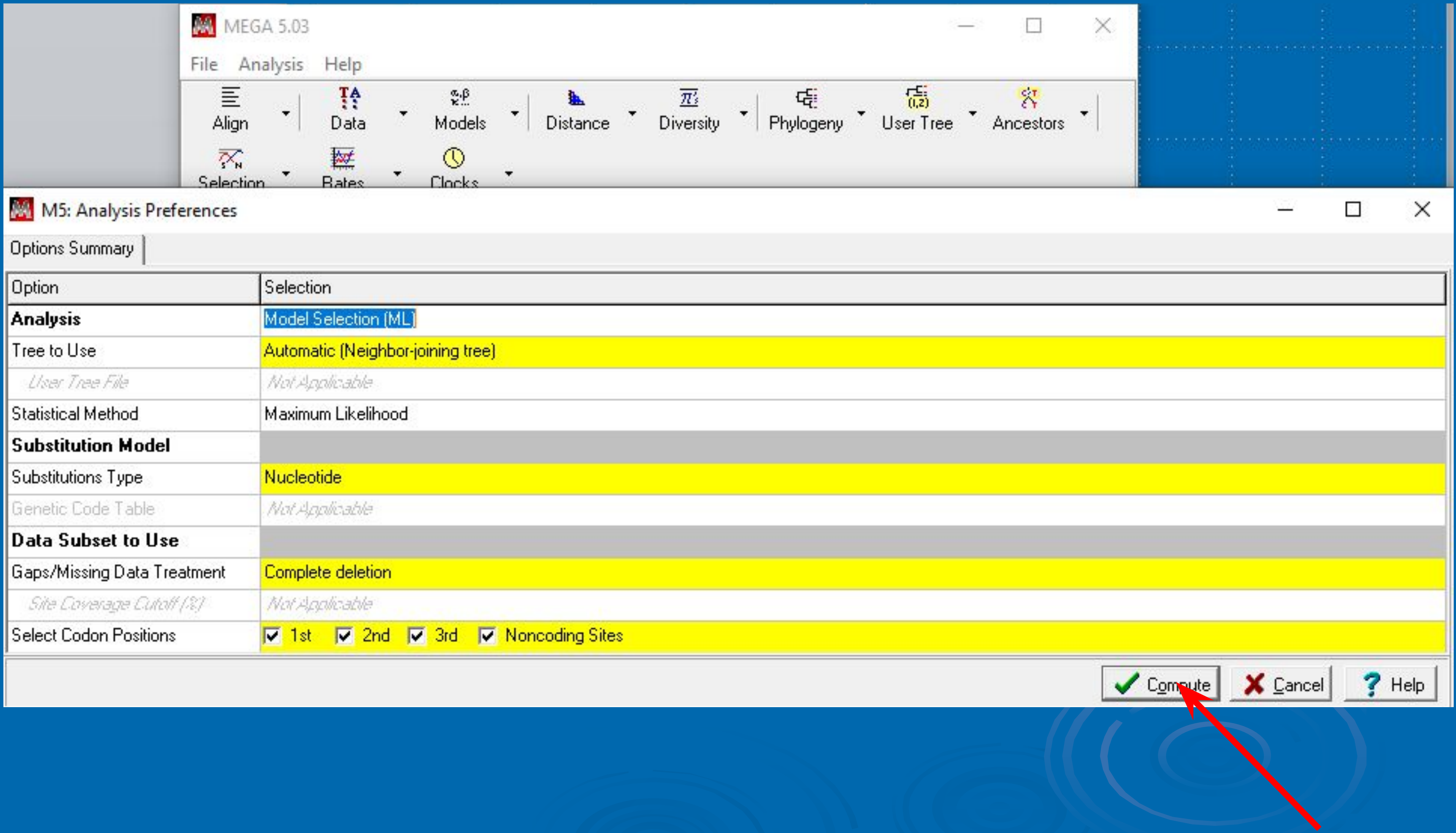
9. Найти наилучшую модель построения филогенетического дерева для полученного



Find Best DNA/Protein Models (ML)...
Disparity Index Test of Pattern Heterogeneity
Estimate Substitution Matrix (ML)...
Estimate Transition/Transversion Bias (ML)...
Compute MCL Substitution Matrix
Compute MCL Transition/Transversion Bias
Compute Pattern Disparity Index
Compute Composition Distances
Compute Amino Acid Composition
Compute Nucleotide Composition
Compute Codon Usage Bias

Задача 2

9. Найти наилучшую модель построения филогенетического дерева для полученного



Option	Selection
Analysis	Model Selection (ML)
Tree to Use	Automatic (Neighbor-joining tree)
User Tree File	*Not Applicable*
Statistical Method	Maximum Likelihood
Substitution Model	
Substitutions Type	Nucleotide
Genetic Code Table	*Not Applicable*
Data Subset to Use	
Gaps/Missing Data Treatment	Complete deletion
Site Coverage Cutoff (%)	*Not Applicable*
Select Codon Positions	☑ 1st ☑ 2nd ☑ 3rd ☑ Noncoding Sites

Задача 2

9. Найти наилучшую модель построения филогенетического дерева для полученного выравнив

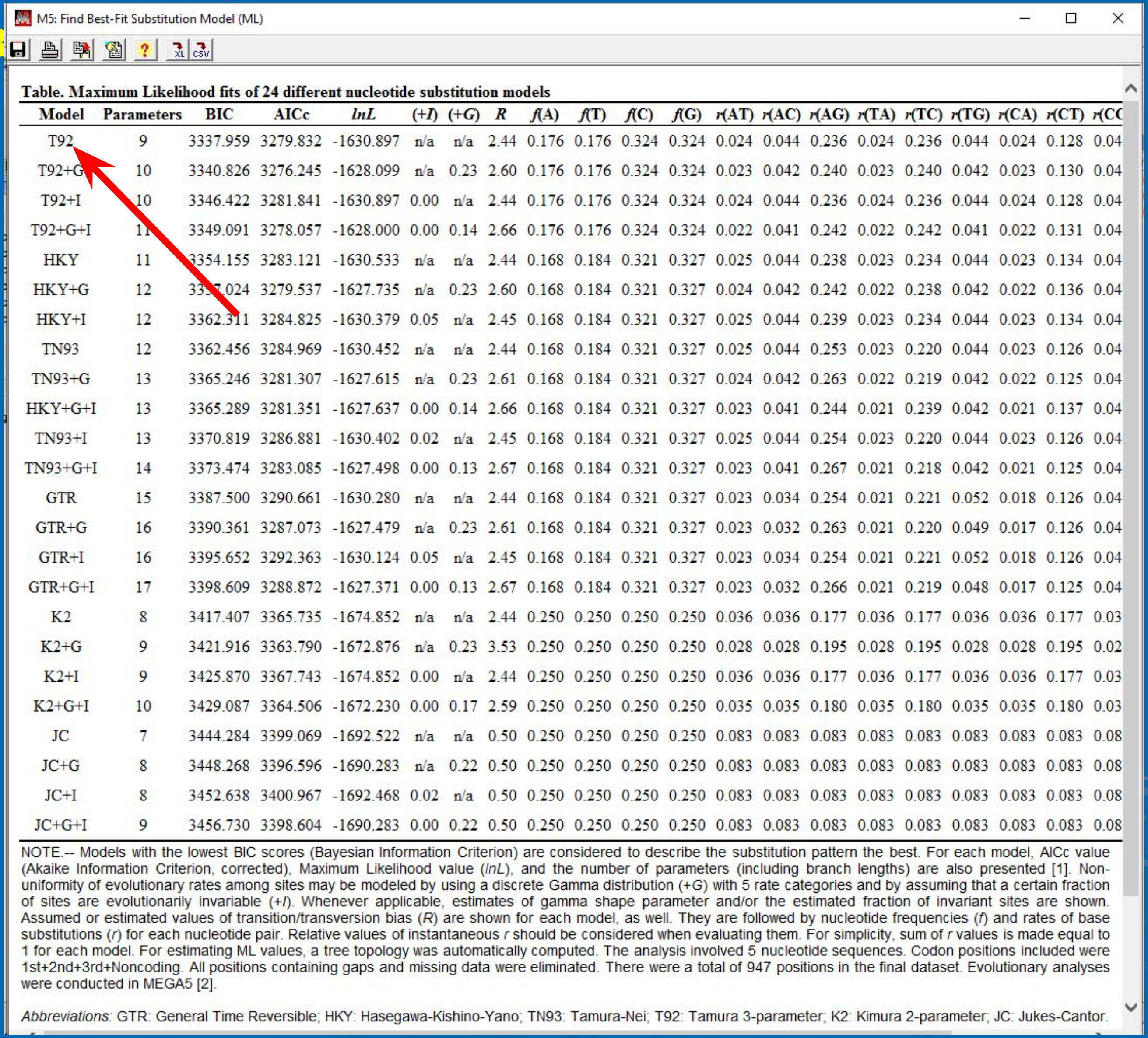


Table. Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models

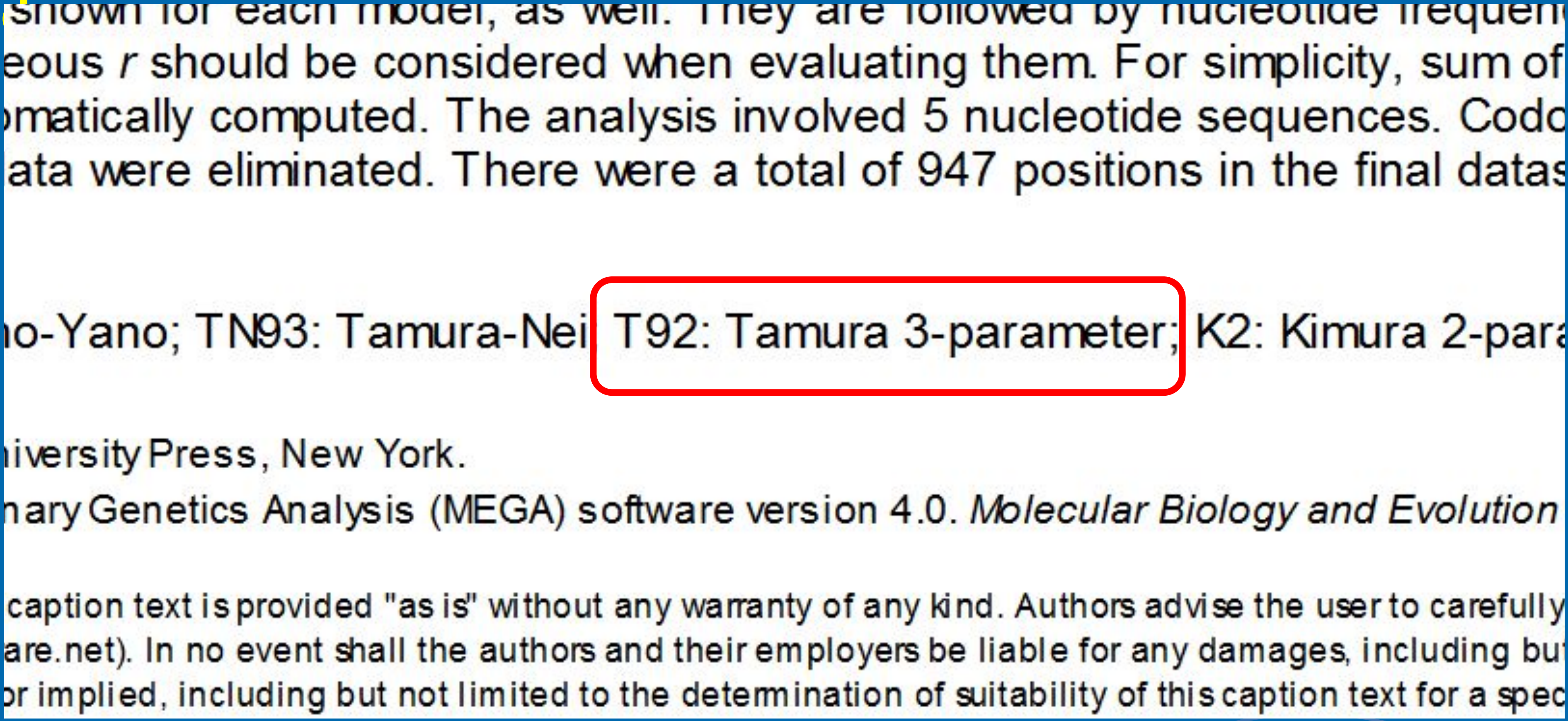
Model	Parameters	BIC	AICc	*lnL*	(+*I*)	(+*G*)	*R*	*f*(A)	*f*(T)	*f*(C)	*f*(G)	*r*(AT)	*r*(AC)	*r*(AG)	*r*(TA)	*r*(TC)	*r*(TG)	*r*(CA)	*r*(CT)	*r*(CC
T92	9	3337.959	3279.832	-1630.897	n/a	n/a	2.44	0.176	0.176	0.324	0.324	0.024	0.044	0.236	0.024	0.236	0.044	0.024	0.128	0.04
T92+G	10	3340.826	3276.245	-1628.099	n/a	0.23	2.60	0.176	0.176	0.324	0.324	0.023	0.042	0.240	0.023	0.240	0.042	0.023	0.130	0.04
T92+I	10	3346.422	3281.841	-1630.897	0.00	n/a	2.44	0.176	0.176	0.324	0.324	0.024	0.044	0.236	0.024	0.236	0.044	0.024	0.128	0.04
T92+G+I	11	3349.091	3278.057	-1628.000	0.00	0.14	2.66	0.176	0.176	0.324	0.324	0.022	0.041	0.242	0.022	0.242	0.041	0.022	0.131	0.04
HKY	11	3354.155	3283.121	-1630.533	n/a	n/a	2.44	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.238	0.023	0.234	0.044	0.023	0.134	0.04
HKY+G	12	3357.024	3279.537	-1627.735	n/a	0.23	2.60	0.168	0.184	0.321	0.327	0.024	0.042	0.242	0.022	0.238	0.042	0.022	0.136	0.04
HKY+I	12	3362.311	3284.825	-1630.379	0.05	n/a	2.45	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.239	0.023	0.234	0.044	0.023	0.134	0.04
TN93	12	3362.456	3284.969	-1630.452	n/a	n/a	2.44	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.253	0.023	0.220	0.044	0.023	0.126	0.04
TN93+G	13	3365.246	3281.307	-1627.615	n/a	0.23	2.61	0.168	0.184	0.321	0.327	0.024	0.042	0.263	0.022	0.219	0.042	0.022	0.125	0.04
HKY+G+I	13	3365.289	3281.351	-1627.637	0.00	0.14	2.66	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.041	0.244	0.021	0.239	0.042	0.021	0.137	0.04
TN93+I	13	3370.819	3286.881	-1630.402	0.02	n/a	2.45	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.254	0.023	0.220	0.044	0.023	0.126	0.04
TN93+G+I	14	3373.474	3283.085	-1627.498	0.00	0.13	2.67	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.041	0.267	0.021	0.218	0.042	0.021	0.125	0.04
GTR	15	3387.500	3290.661	-1630.280	n/a	n/a	2.44	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.034	0.254	0.021	0.221	0.052	0.018	0.126	0.04
GTR+G	16	3390.361	3287.073	-1627.479	n/a	0.23	2.61	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.032	0.263	0.021	0.220	0.049	0.017	0.126	0.04
GTR+I	16	3395.652	3292.363	-1630.124	0.05	n/a	2.45	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.034	0.254	0.021	0.221	0.052	0.018	0.126	0.04
GTR+G+I	17	3398.609	3288.872	-1627.371	0.00	0.13	2.67	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.032	0.266	0.021	0.219	0.048	0.017	0.125	0.04
K2	8	3417.407	3365.735	-1674.852	n/a	n/a	2.44	0.250	0.250	0.250	0.250	0.036	0.036	0.177	0.036	0.177	0.036	0.036	0.177	0.03
K2+G	9	3421.916	3363.790	-1672.876	n/a	0.23	3.53	0.250	0.250	0.250	0.250	0.028	0.028	0.195	0.028	0.195	0.028	0.028	0.195	0.02
K2+I	9	3425.870	3367.743	-1674.852	0.00	n/a	2.44	0.250	0.250	0.250	0.250	0.036	0.036	0.177	0.036	0.177	0.036	0.036	0.177	0.03
K2+G+I	10	3429.087	3364.506	-1672.230	0.00	0.17	2.59	0.250	0.250	0.250	0.250	0.035	0.035	0.180	0.035	0.180	0.035	0.035	0.180	0.03
JC	7	3444.284	3399.069	-1692.522	n/a	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08
JC+G	8	3448.268	3396.596	-1690.283	n/a	0.22	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08
JC+I	8	3452.638	3400.967	-1692.468	0.02	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08
JC+G+I	9	3456.730	3398.604	-1690.283	0.00	0.22	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.08

NOTE.-- Models with the lowest BIC scores (Bayesian Information Criterion) are considered to describe the substitution pattern the best. For each model, AICc value (Akaike Information Criterion, corrected), Maximum Likelihood value (*lnL*), and the number of parameters (including branch lengths) are also presented [1]. Non-uniformity of evolutionary rates among sites may be modeled by using a discrete Gamma distribution (+*G*) with 5 rate categories and by assuming that a certain fraction of sites are evolutionarily invariable (+*I*). Whenever applicable, estimates of gamma shape parameter and/or the estimated fraction of invariant sites are shown. Assumed or estimated values of transition/transversion bias (*R*) are shown for each model, as well. They are followed by nucleotide frequencies (*f*) and rates of base substitutions (*r*) for each nucleotide pair. Relative values of instantaneous *r* should be considered when evaluating them. For simplicity, sum of *r* values is made equal to 1 for each model. For estimating ML values, a tree topology was automatically computed. The analysis involved 5 nucleotide sequences. Codon positions included were 1st+2nd+3rd+Noncoding. All positions containing gaps and missing data were eliminated. There were a total of 947 positions in the final dataset. Evolutionary analyses were conducted in MEGA5 [2].

Abbreviations: GTR: General Time Reversible; HKY: Hasegawa-Kishino-Yano; TN93: Tamura-Nei; T92: Tamura 3-parameter; K2: Kimura 2-parameter; JC: Jukes-Cantor.

Задача 2

10. Смотрим расшифровку наилучшей модели внизу таблицы, необходимую для построения



shown for each model, as well. They are followed by nucleotide frequen
eous *r* should be considered when evaluating them. For simplicity, sum of
matically computed. The analysis involved 5 nucleotide sequences. Codo
ata were eliminated. There were a total of 947 positions in the final datas

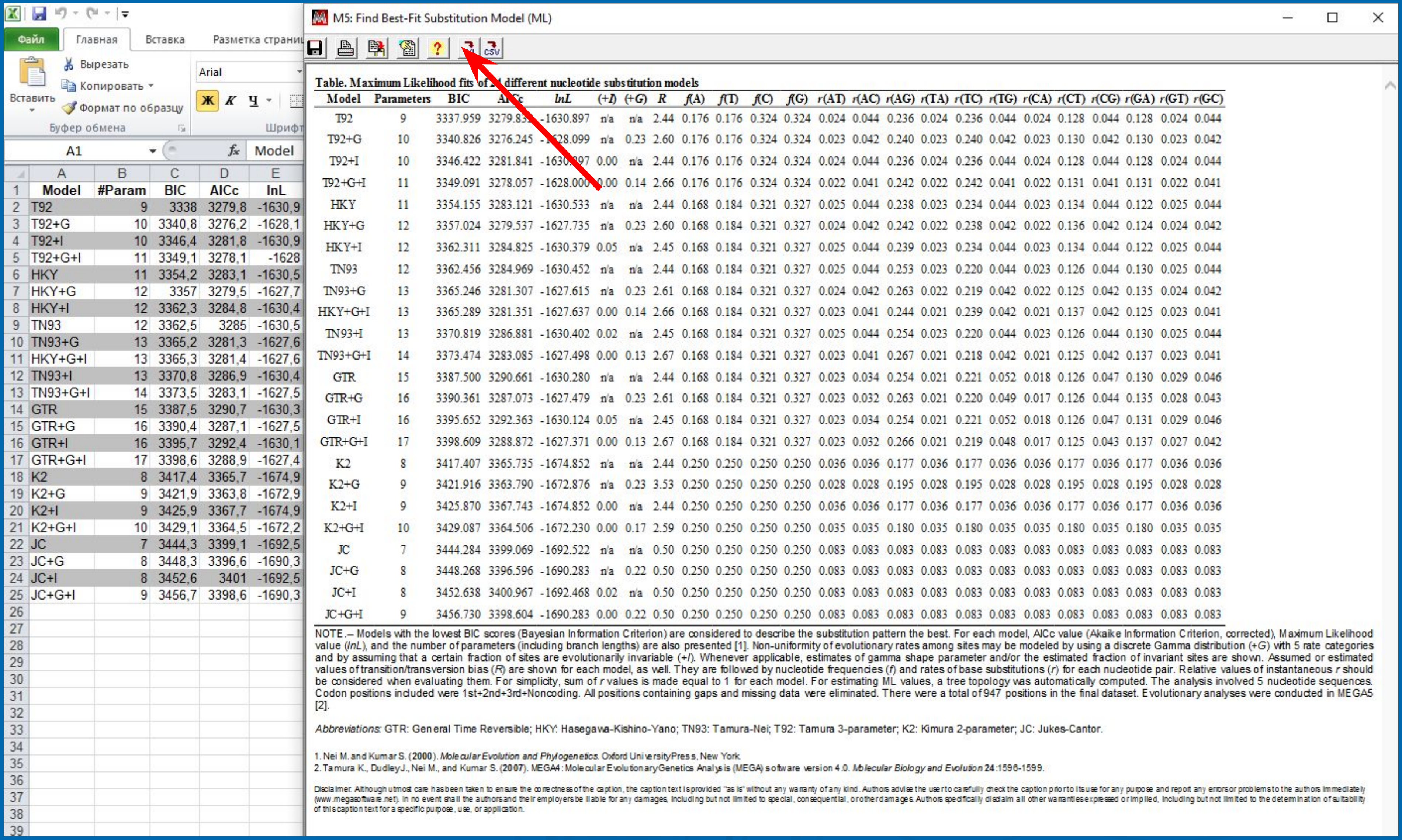
o-Yano; TN93: Tamura-Nei; T92: Tamura 3-parameter; K2: Kimura 2-para

iversity Press, New York.
nary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*

caption text is provided "as is" without any warranty of any kind. Authors advise the user to carefully
are.net). In no event shall the authors and their employers be liable for any damages, including bu
or implied, including but not limited to the determination of suitability of this caption text for a spec

Задача 2

11. Сохраняем таблицу в формате Ecxel с именем insulin_best model



	A	B	C	D	E
1	Model	#Param	BIC	AICc	lnL
2	T92	9	3338	3279,8	-1630,9
3	T92+G	10	3340,8	3276,2	-1628,1
4	T92+I	10	3346,4	3281,8	-1630,9
5	T92+G+I	11	3349,1	3278,1	-1628
6	HKY	11	3354,2	3283,1	-1630,5
7	HKY+G	12	3357	3279,5	-1627,7
8	HKY+I	12	3362,3	3284,8	-1630,4
9	TN93	12	3362,5	3285	-1630,5
10	TN93+G	13	3365,2	3281,3	-1627,6
11	HKY+G+I	13	3365,3	3281,4	-1627,6
12	TN93+I	13	3370,8	3286,9	-1630,4
13	TN93+G+I	14	3373,5	3283,1	-1627,5
14	GTR	15	3387,5	3290,7	-1630,3
15	GTR+G	16	3390,4	3287,1	-1627,5
16	GTR+I	16	3395,7	3292,4	-1630,1
17	GTR+G+I	17	3398,6	3288,9	-1627,4
18	K2	8	3417,4	3365,7	-1674,9
19	K2+G	9	3421,9	3363,8	-1672,9
20	K2+I	9	3425,9	3367,7	-1674,9
21	K2+G+I	10	3429,1	3364,5	-1672,2
22	JC	7	3444,3	3399,1	-1692,5
23	JC+G	8	3448,3	3396,6	-1690,3
24	JC+I	8	3452,6	3401	-1692,5
25	JC+G+I	9	3456,7	3398,6	-1690,3

Table. Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models

Model	Parameters	BIC	AICc	*lnL*	(+*I*)	(+*G*)	*R*	*f*(A)	*f*(T)	*f*(C)	*f*(G)	*r*(AT)	*r*(AC)	*r*(AG)	*r*(TA)	*r*(TC)	*r*(TG)	*r*(CA)	*r*(CT)	*r*(CG)	*r*(GA)	*r*(GT)	*r*(GC)
T92	9	3337.959	3279.832	-1630.897	n/a	n/a	2.44	0.176	0.176	0.324	0.324	0.024	0.044	0.236	0.024	0.236	0.044	0.024	0.128	0.044	0.128	0.024	0.044
T92+G	10	3340.826	3276.245	-1628.099	n/a	0.23	2.60	0.176	0.176	0.324	0.324	0.023	0.042	0.240	0.023	0.240	0.042	0.023	0.130	0.042	0.130	0.023	0.042
T92+I	10	3346.422	3281.841	-1630.897	0.00	n/a	2.44	0.176	0.176	0.324	0.324	0.024	0.044	0.236	0.024	0.236	0.044	0.024	0.128	0.044	0.128	0.024	0.044
T92+G+I	11	3349.091	3278.057	-1628.000	0.00	0.14	2.66	0.176	0.176	0.324	0.324	0.022	0.041	0.242	0.022	0.242	0.041	0.022	0.131	0.041	0.131	0.022	0.041
HKY	11	3354.155	3283.121	-1630.533	n/a	n/a	2.44	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.238	0.023	0.234	0.044	0.023	0.134	0.044	0.122	0.025	0.044
HKY+G	12	3357.024	3279.537	-1627.735	n/a	0.23	2.60	0.168	0.184	0.321	0.327	0.024	0.042	0.242	0.022	0.238	0.042	0.022	0.136	0.042	0.124	0.024	0.042
HKY+I	12	3362.311	3284.825	-1630.379	0.05	n/a	2.45	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.239	0.023	0.234	0.044	0.023	0.134	0.044	0.122	0.025	0.044
TN93	12	3362.456	3284.969	-1630.452	n/a	n/a	2.44	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.253	0.023	0.220	0.044	0.023	0.126	0.044	0.130	0.025	0.044
TN93+G	13	3365.246	3281.307	-1627.615	n/a	0.23	2.61	0.168	0.184	0.321	0.327	0.024	0.042	0.263	0.022	0.219	0.042	0.022	0.125	0.042	0.135	0.024	0.042
HKY+G+I	13	3365.289	3281.351	-1627.637	0.00	0.14	2.66	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.041	0.244	0.021	0.239	0.042	0.021	0.137	0.042	0.125	0.023	0.041
TN93+I	13	3370.819	3286.881	-1630.402	0.02	n/a	2.45	0.168	0.184	0.321	0.327	0.025	0.044	0.254	0.023	0.220	0.044	0.023	0.126	0.044	0.130	0.025	0.044
TN93+G+I	14	3373.474	3283.085	-1627.498	0.00	0.13	2.67	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.041	0.267	0.021	0.218	0.042	0.021	0.125	0.042	0.137	0.023	0.041
GTR	15	3387.500	3290.661	-1630.280	n/a	n/a	2.44	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.034	0.254	0.021	0.221	0.052	0.018	0.126	0.047	0.130	0.029	0.046
GTR+G	16	3390.361	3287.073	-1627.479	n/a	0.23	2.61	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.032	0.263	0.021	0.220	0.049	0.017	0.126	0.044	0.135	0.028	0.043
GTR+I	16	3395.652	3292.363	-1630.124	0.05	n/a	2.45	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.034	0.254	0.021	0.221	0.052	0.018	0.126	0.047	0.131	0.029	0.046
GTR+G+I	17	3398.609	3288.872	-1627.371	0.00	0.13	2.67	0.168	0.184	0.321	0.327	0.023	0.032	0.266	0.021	0.219	0.048	0.017	0.125	0.043	0.137	0.027	0.042
K2	8	3417.407	3365.735	-1674.852	n/a	n/a	2.44	0.250	0.250	0.250	0.250	0.036	0.036	0.177	0.036	0.177	0.036	0.036	0.177	0.036	0.177	0.036	0.036
K2+G	9	3421.916	3363.790	-1672.876	n/a	0.23	3.53	0.250	0.250	0.250	0.250	0.028	0.028	0.195	0.028	0.195	0.028	0.028	0.195	0.028	0.195	0.028	0.028
K2+I	9	3425.870	3367.743	-1674.852	0.00	n/a	2.44	0.250	0.250	0.250	0.250	0.036	0.036	0.177	0.036	0.177	0.036	0.036	0.177	0.036	0.177	0.036	0.036
K2+G+I	10	3429.087	3364.506	-1672.230	0.00	0.17	2.59	0.250	0.250	0.250	0.250	0.035	0.035	0.180	0.035	0.180	0.035	0.035	0.180	0.035	0.180	0.035	0.035
JC	7	3444.284	3399.069	-1692.522	n/a	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC+G	8	3448.268	3396.596	-1690.283	n/a	0.22	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC+I	8	3452.638	3400.967	-1692.468	0.02	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC+G+I	9	3456.730	3398.604	-1690.283	0.00	0.22	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083

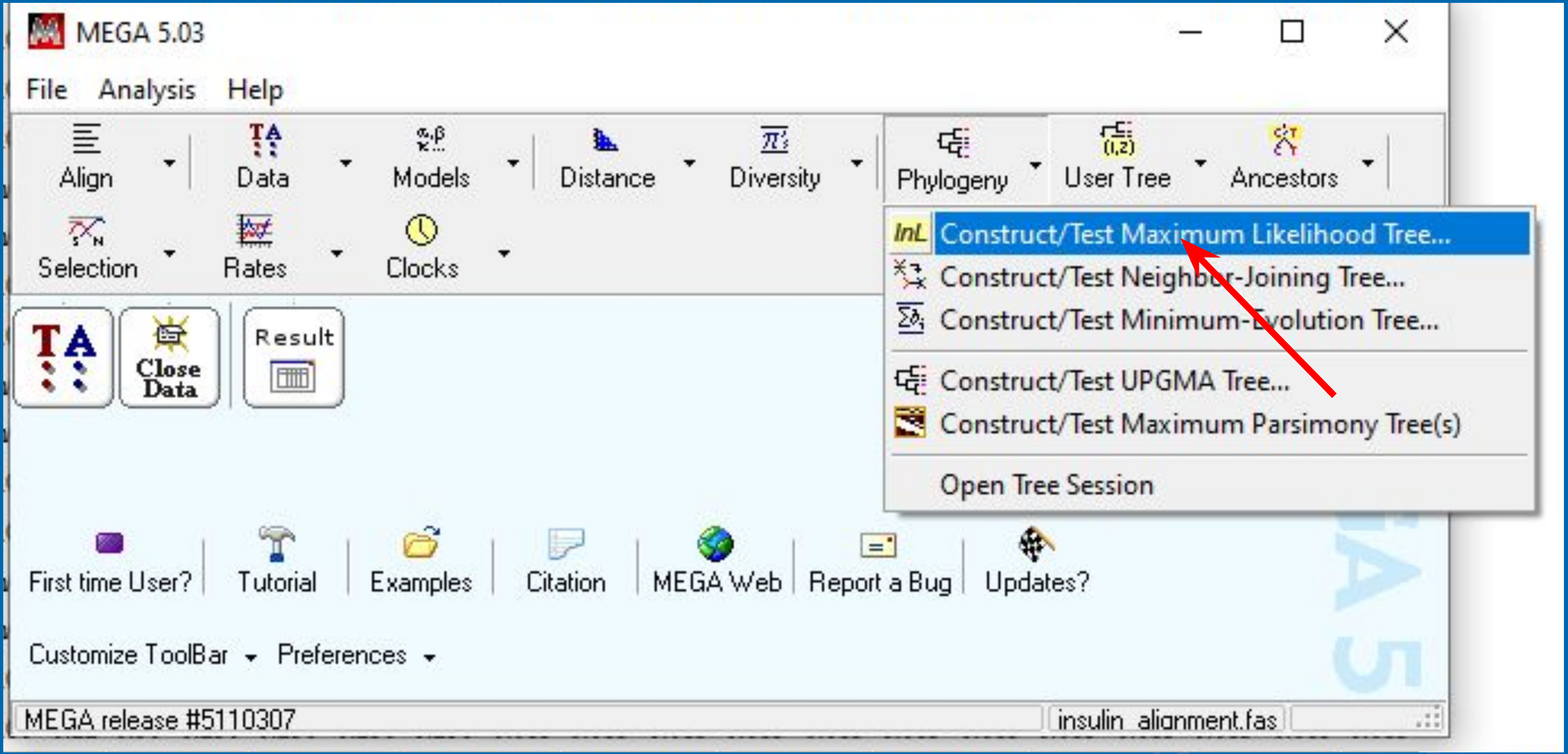
NOTE.– Models with the lowest BIC scores (Bayesian Information Criterion) are considered to describe the substitution pattern the best. For each model, AICc value (Akaike Information Criterion, corrected), Maximum Likelihood value (*lnL*), and the number of parameters (including branch lengths) are also presented [1]. Non-uniformity of evolutionary rates among sites may be modeled by using a discrete Gamma distribution (+*G*) with 5 rate categories and by assuming that a certain fraction of sites are evolutionarily invariable (+*I*). Whenever applicable, estimates of gamma shape parameter and/or the estimated fraction of invariant sites are shown. Assumed or estimated values of transition/transversion bias (*R*) are shown for each model, as well. They are followed by nucleotide frequencies (*f*) and rates of base substitutions (*r*) for each nucleotide pair. Relative values of instantaneous *r* should be considered when evaluating them. For simplicity, sum of *r* values is made equal to 1 for each model. For estimating ML values, a tree topology was automatically computed. The analysis involved 5 nucleotide sequences. Codon positions included were 1st+2nd+3rd+Noncoding. All positions containing gaps and missing data were eliminated. There were a total of 947 positions in the final dataset. Evolutionary analyses were conducted in MEGA5 [2].

Abbreviations: GTR: General Time Reversible; HKY: Hasegawa-Kishino-Yano; TN93: Tamura-Nei; T92: Tamura 3-parameter; K2: Kimura 2-parameter; JC: Jukes-Cantor.

1. Nei M. and Kumar S. (**2000**). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
2. Tamura K., Dudley J., Nei M., and Kumar S. (**2007**). MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* **24**:1596-1599.

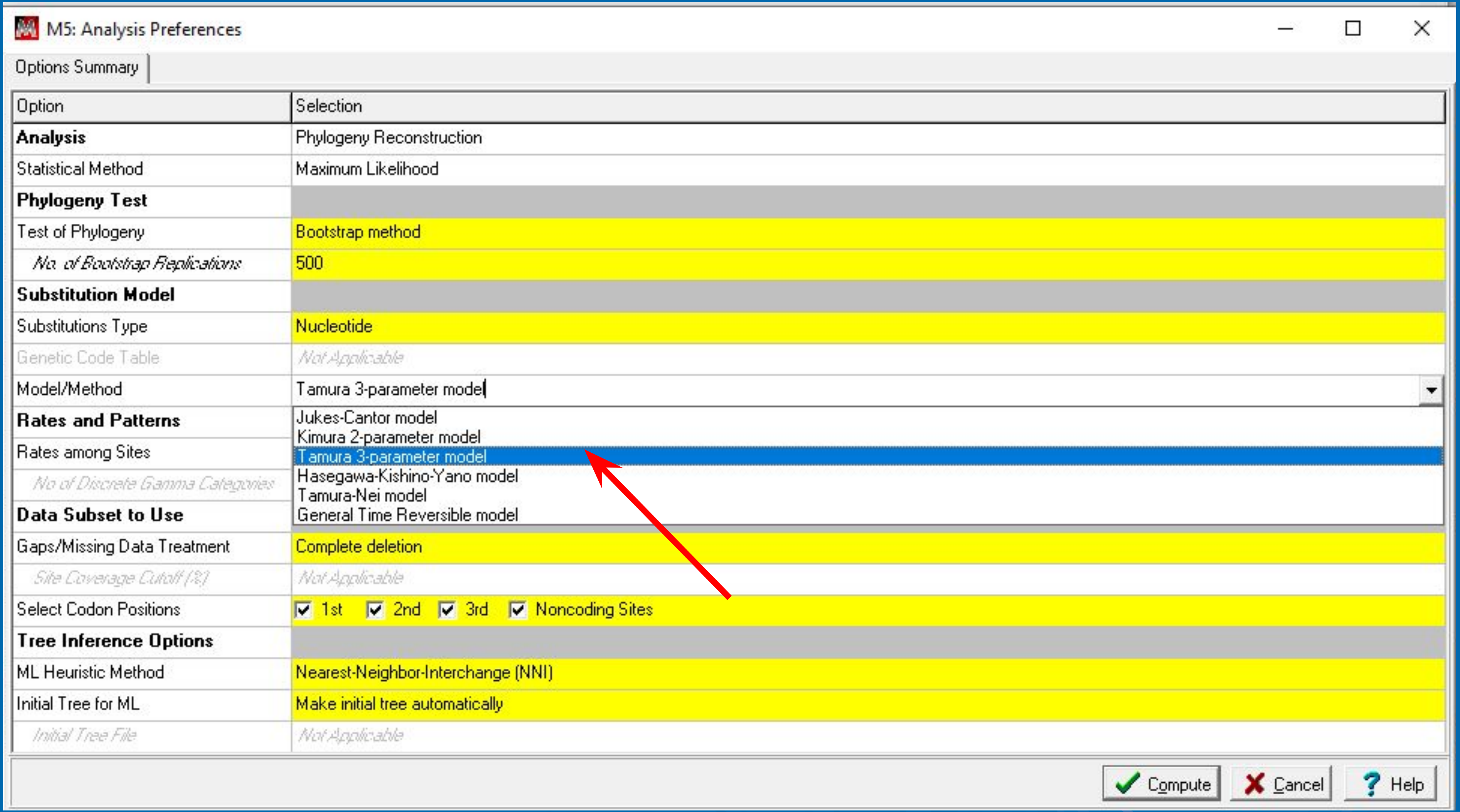
Задача 2

12. Построить филогенетическое дерево для выбранных нуклеотидных последовательностей



Задача 2

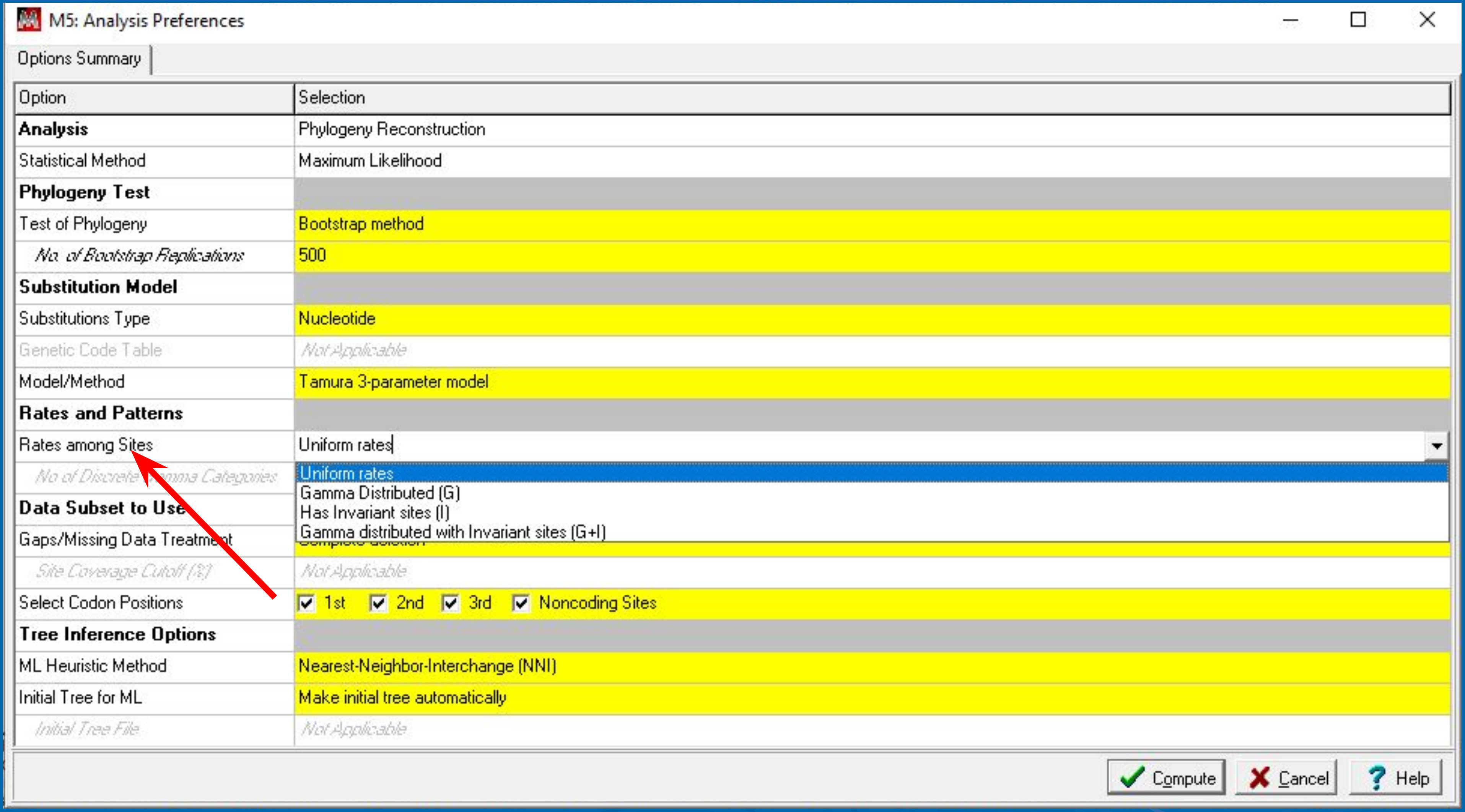
12. Указываем нужную (наилучшую) модель



Option	Selection
Analysis	Phylogeny Reconstruction
Statistical Method	Maximum Likelihood
Phylogeny Test	
Test of Phylogeny	Bootstrap method
No. of Bootstrap Replications	500
Substitution Model	
Substitutions Type	Nucleotide
Genetic Code Table	*Not Applicable*
Model/Method	Tamura 3-parameter model
Rates and Patterns	
Rates among Sites	
No of Discrete Gamma Categories	
Data Subset to Use	
Gaps/Missing Data Treatment	Complete deletion
Site Coverage Cutoff (%)	*Not Applicable*
Select Codon Positions	☑ 1st ☑ 2nd ☑ 3rd ☑ Noncoding Sites
Tree Inference Options	
ML Heuristic Method	Nearest-Neighbor-Interchange (NNI)
Initial Tree for ML	Make initial tree automatically
Initial Tree File	*Not Applicable*

Задача 2

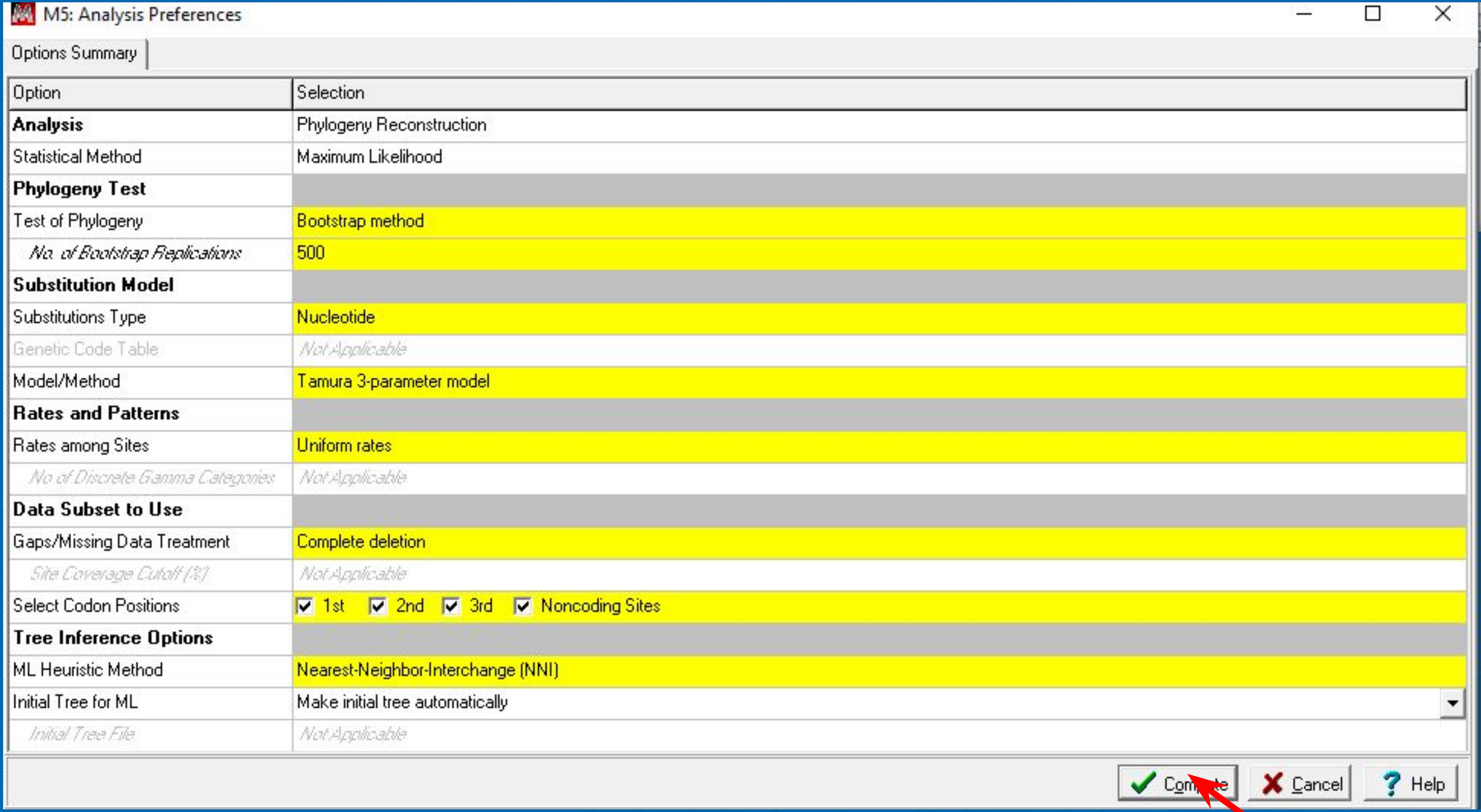
12. При необходимости – другие параметры, указанные в наилучшей модели



Option	Selection
Analysis	Phylogeny Reconstruction
Statistical Method	Maximum Likelihood
Phylogeny Test	
Test of Phylogeny	Bootstrap method
No. of Bootstrap Replications	500
Substitution Model	
Substitutions Type	Nucleotide
Genetic Code Table	*Not Applicable*
Model/Method	Tamura 3-parameter model
Rates and Patterns	
Rates among Sites	Uniform rates Uniform rates Gamma Distributed (G) Has Invariant sites (I) Gamma distributed with Invariant sites (G+I)
No of Discrete Gamma Categories	
Data Subset to Use	
Gaps/Missing Data Treatment	Complete deletion
Site Coverage Cutoff (%)	*Not Applicable*
Select Codon Positions	☑ 1st ☑ 2nd ☑ 3rd ☑ Noncoding Sites
Tree Inference Options	
ML Heuristic Method	Nearest-Neighbor-Interchange (NNI)
Initial Tree for ML	Make initial tree automatically
Initial Tree File	*Not Applicable*

Задача 2

12. Строим филогенетическое дерево для выбранных нуклеотидных последовательностей



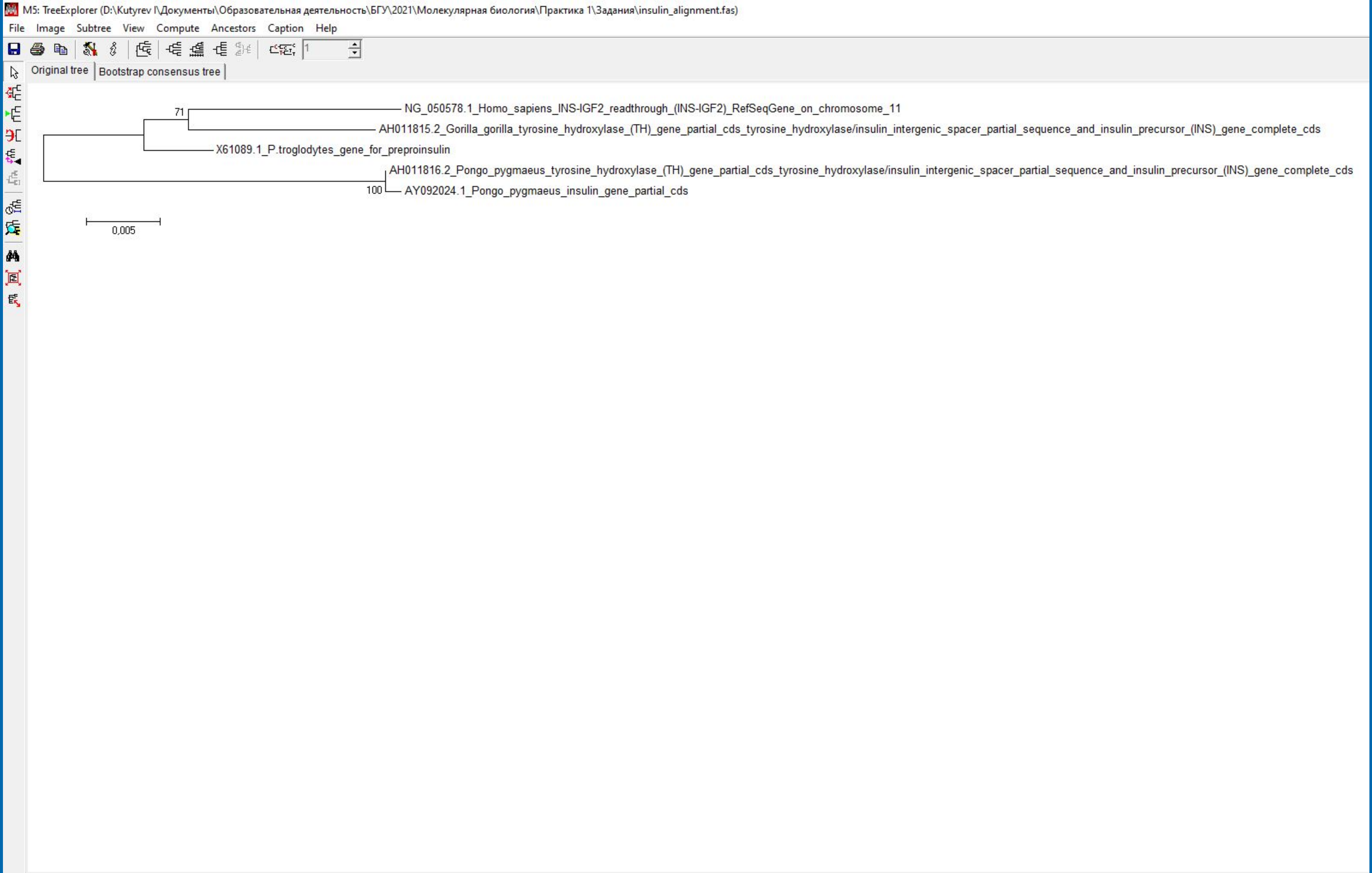
M5: Analysis Preferences

Options Summary

Option	Selection
Analysis	Phylogeny Reconstruction
Statistical Method	Maximum Likelihood
Phylogeny Test	
Test of Phylogeny	Bootstrap method
No. of Bootstrap Replications	500
Substitution Model	
Substitutions Type	Nucleotide
Genetic Code Table	*Not Applicable*
Model/Method	Tamura 3-parameter model
Rates and Patterns	
Rates among Sites	Uniform rates
No of Discrete Gamma Categories	*Not Applicable*
Data Subset to Use	
Gaps/Missing Data Treatment	Complete deletion
Site Coverage Cutoff (%)	*Not Applicable*
Select Codon Positions	☑ 1st ☑ 2nd ☑ 3rd ☑ Noncoding Sites
Tree Inference Options	
ML Heuristic Method	Nearest-Neighbor-Interchange (NNI)
Initial Tree for ML	Make initial tree automatically
Initial Tree File	*Not Applicable*

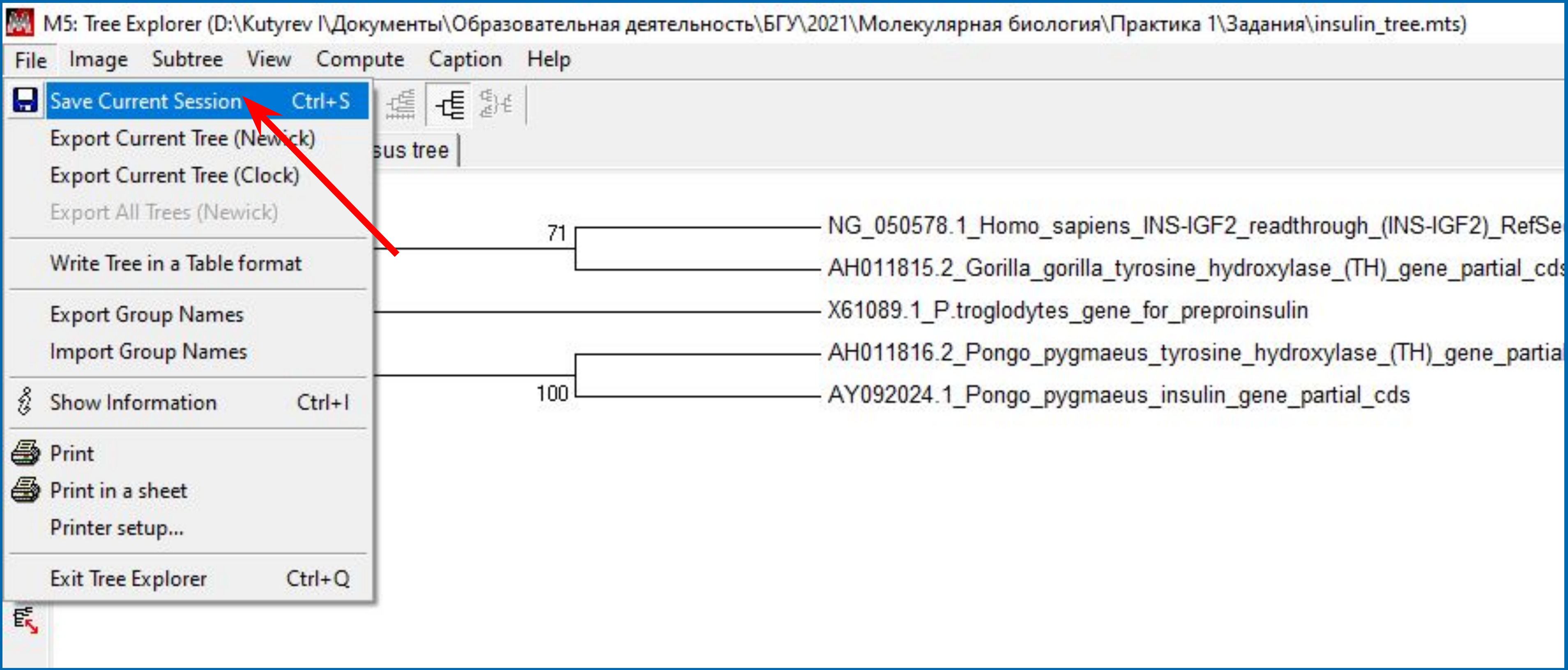
Задача 2

12. Строим филогенетическое дерево для выбранных нуклеотидных последовательностей



Задача 2

13. Сохраняем текущую сессию под названием insulin_tree


M5: Tree Explorer (D:\Kutyrev I\Документы\Образовательная деятельность\БГУ\2021\Молекулярная биология\Практика 1\Задания\insulin_tree.mts)

Задача 2. Форма отчета

- **Каждый лично отправляет мне на почту sankaar@mail.ru :**
- **1) файл** insulin.fasta
- **2) insulin_alignment.fas**
- **3) insulin_best model.xls**
- **4) insulin_tree.mts**