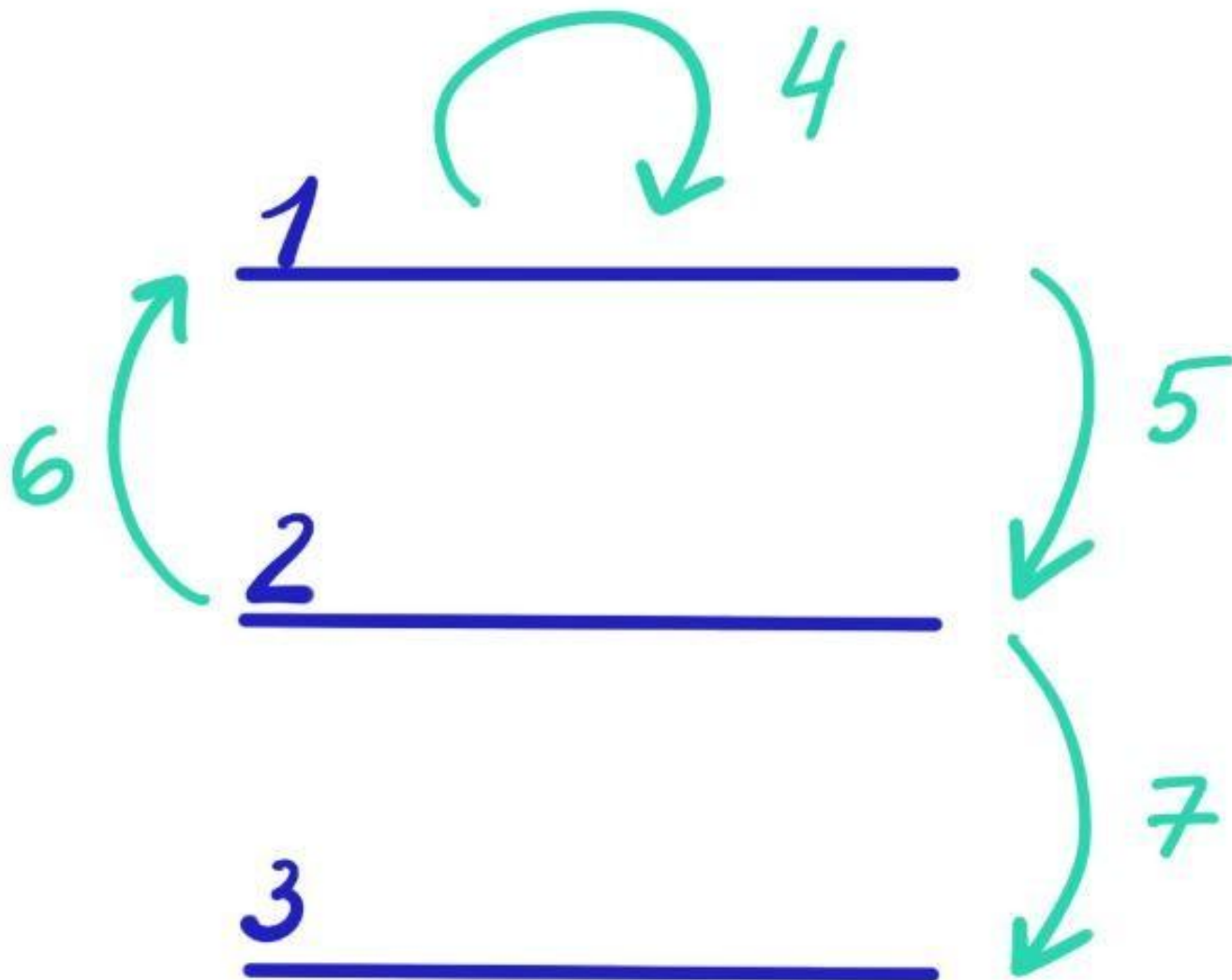


Молекулярная биология



На рисунке представлена схема центральной догмы молекулярной биологии, описывающей основы процесса биосинтеза белка. Соотнесите цифры на схеме и процессы/вещества, им соответствующие.



Филогенетическое дерево представляет собой историю расхождения видов от общих предков. Построение таких деревьев из последовательностей ДНК или белка могут быть выполнены только с помощью компьютеров, так как наборы данных огромны.

Тем не менее предлагаем вам попробовать применить некоторые фундаментальные принципы построения деревьев на простом примере. Рассмотрим первые 30 аминокислот α -цепей гемоглобина для пяти видов, показанных на рисунке.

Human VLSPADKTNVKA AWGKVG AHAGEYGA EALE

Frog LLSADDK KHIKA IMPA IAAHGD KFGG EALY

Chicken VLSAADK NNVKGI FTKIAG HAEEYGA ETLE

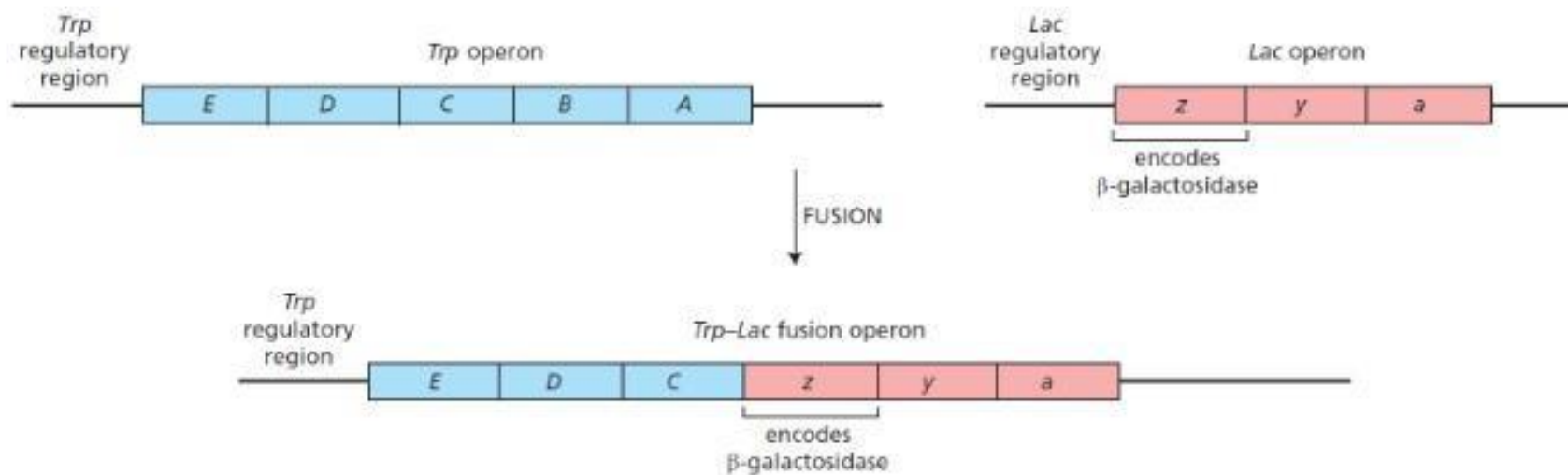
Whale VLSP TDKSNV KATWAK IGNHGA EYGA EALE

Fish SLSDKDKAA VRALW SKIGKS ADAIGN DALS

В общем подходе, известном как метод матрицы расстояний, первым шагом является построение таблицы всех попарных различий между последовательностями. Частично заполненный пример показан в таблице ниже. Дополните ячейки, обозначенные вопросительными знаками.

В ответ дайте сумму всех четырех чисел.

Представьте, что вы создали штамм, в котором соединяются триптофановый оперон (Trp), отвечающий за синтез триптофана, и лактозный оперон (Lac), отвечающий за расщепление лактозы. Схема получившейся молекулы представлена на рисунке. При каком наборе условий β -галактозидаза будет экспрессироваться в штамме бактерий, несущем этот слитный оперон?



Ваш ответ

- При отсутствии лактозы и глюкозы одновременно
- При одновременном присутствии лактозы и глюкозы
- При присутствии лактозы и триптофана одновременно
- При отсутствии триптофана
- При отсутствии глюкозы и в присутствии лактозы

Вам необходимо амплифицировать участок ДНК между указанными концами (то есть то, что обозначено оранжевым):



Среди представленного набора праймеров выберите пару, которая позволит вам это осуществить при помощи ПЦР. Будьте внимательны к направлениям цепей ДНК.

primers

(1) 5' – GACCTGTGGAAGC – 3'

(2) 5' – CTGGACACCTTCG – 3'

(3) 5' – CGAAGGTGTCCAG – 3'

(4) 5' – GCTTCCACAGGTC – 3'

(5) 5' – CATACGGGATTGA – 3'

(6) 5' – GTATGCCCTAACT – 3'

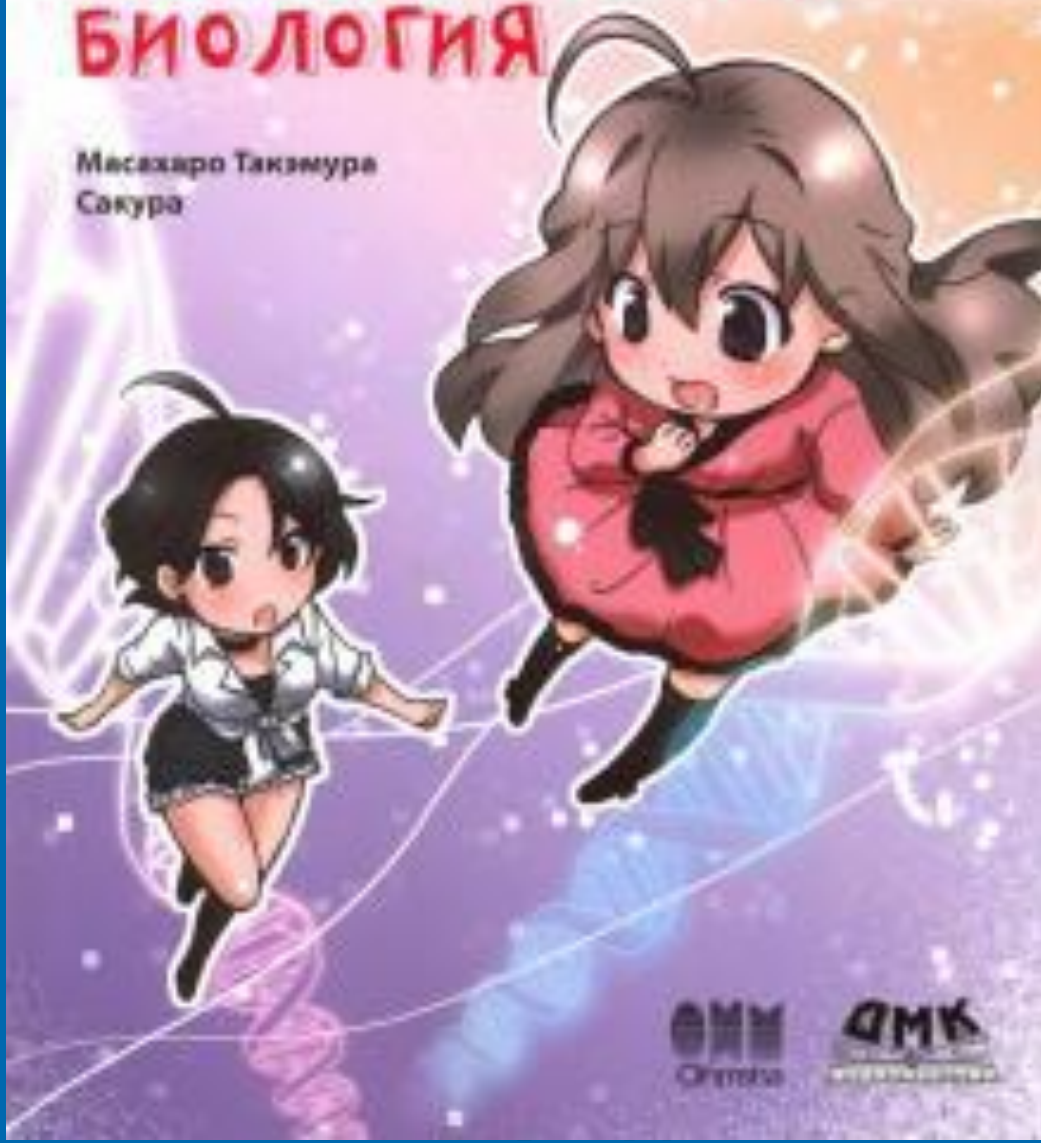
(7) 5' – TGTTAGGGGCATAC – 3'

(8) 5' – TCAATCCCGTATG – 3'

ЗАНИМАТЕЛЬНАЯ МАНГА

МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ

Масахаро Такэмура
Сакура



DMB
Orion

DMB
INTERNATIONAL



ДОКТОР КОРО
УЧЕБ!

МНЕ ПОКАЖИТЕ
ОН ИТАК!



Я ТАК И НЕ ПОНИМАЮ,
ЧТО ТАКОЕ БЕЛОК.
НЕ ГОВОРИ УЖЕ
О ДНК И РНК...

НЕ СДЕЛАЙТЕ - АДО
ЭТОГО МНЕ ЕЩЕ
ДОБАВЬ.



ПОКА НТО СЛЫШИТЕ
ВНИМАТЕЛЬНО - ОСОБЕННО
КОГДА Я БУДУ УПОМИНАТЬ
ЭТИ КЛЮЧЕВЫЕ ТЕРМИНЫ!

КОРОЛЮ!



ПРОДАТЬ
В КАБРЕТ.



НУ БОГ...

СКРИП



ЧТО ЭТО ТАКОЕ?

!!!



ЭТУ МОДЕЛЬ НАШЕЙ МОДЕЛИ
ДОКТОР КОРО!

ТА-ДАМ



ОНА МОДЕЛИРУЕТ ВИРТУАЛЬНУЮ
РЕАЛЬНОСТЬ, КОТОРАЯ ДЕЙСТВУЕТ
СЛУЖИМ МИКРОСКОПИЧЕСКОМУ МИРУ!
ТАКИМ ОБРАЗОМ МЫ СМОЖЕМ
РАССМОТРЕТЬ ТО, ЧТО В ОБЫЧНОЙ
ЖИЗНИ СКРЫТО ОТ НАШИХ ГЛАЗ!

СЕГОДНЯ
МЫ ИСПОЛЬЗУЕМ
ЭТУ НАШУ
ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ
МОЛЕКУЛЯРНОЙ
БИОЛОГИИ!

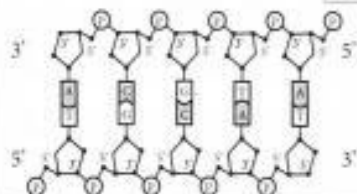
БАМ — М!!



Помогите!

Спасите!

НА РИСУНКЕ ВИАНО, КАК
ПРОНУМЕРОВАНЫ АТОМЫ УГЛЕРОДА
В МОЛЕКУЛЕ ДЕЗОКСИРИБОЗЫ



ТЕПЕРЬ ВИАНО, ЧТО НА РАЗНЫХ
КОНЦАХ ДНК НАХОДЯТСЯ АТОМЫ
УГЛЕРОДА 3' И 5' В МОЛЕКУЛЕ
ДЕЗОКСИРИБОЗЫ



ИМЕННО ТАК!

ЭТОТ МЕХАНИЗМ ОТКРЫЛ ДОКТОР
ЛЕДАЖИ ОКАЗАКИ, ПОЭТОМУ ЭТИ
КОРОТКИЕ ФРАГМЕНТЫ ПОЛУЧИЛИ
НАЗВАНИЕ "ФРАГМЕНТЫ
ОКАЗАКИ".



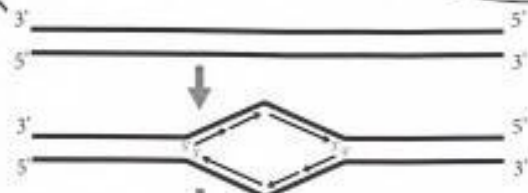
ЕСЛИ ВСЁ, О ЧЁМ МЫ
ГОВОРИЛИ, ВАМ ЯСНО,
ТО МОЖНО СЧИТАТЬ,
ЧТО ВЫ ХОРОШО
УСВОИЛИ ТЕМУ.



КАЖЕТСЯ, ВСЁ
ПОНЯТНО...

А У МЕНЯ ВОЗНИК ВОПРОС.

ДНК-ПОЛИМЕРАЗА МОЖЕТ
РЕПЛИЦИРОВАТЬ ДНК ТОЛЬКО
В НАПРАВЛЕНИИ ОТ 5'-КОНЦА
К 3'-КОНЦУ.



В ИТОГЕ, КОГДА ДВОИЧНАЯ СПИРАЛЬ
ДНК РАСПЕТАЕТСЯ И ОБРАЗУЮТСЯ
ДВЕ ОТДЕЛЬНЫЕ НИТИ,

РЕПЛИКАЦИЯ НАЧИНАЕТСЯ
С АБУХ СТОРОН ОТ 5'-КОНЦА
К 3'-КОНЦУ КАЖДОЙ НИТИ.



КАК ЭТО ПРОИСХОДИТ,
ВИАНО НА РИСУНКЕ.

ДНК-ПОЛИМЕРАЗА СИНТЕЗИРУЕТ
КОРОТКИЕ ФРАГМЕНТЫ ДНК, КОТОРЫЕ
ЗАТЕМ СОБАИНАЮТСЯ - ПОЛУЧАЕТСЯ
СПЛОШНАЯ НИТЬ.

ПОЧЕМУ РЕПЛИКАЦИЯ ЦАЁТ ТОЛЬКО
В НАПРАВЛЕНИИ ОТ 5'-КОНЦА К 3'-КОНЦУ
И НИКАК ИНАЧЕ?



НУ, В РАМКАХ КУРСА ДОКТОРА МОРО ЭТА
ТЕМА НЕ ИЗУЧАЕТСЯ. ОНА СЛИШКОМ СЛОЖНА
ДЛЯ ВОСПРИЯТИЯ... КОРОТКО ГОВОРИ, ЭТА
ОСОБЕННОСТЬ СВЯЗАНА СО СТРУКТУРОЙ
ДНК-ПОЛИМЕРАЗЫ!

АГА, СПАСИБО.



Спасибо!

ПОХОЖЕ, ОН САМ
НЕ ЗНАЕТ ОТВЕТА.

ВЗГЛЯНИТЕ! РЕПЛИКАЦИЯ
ДНК ЗАВЕРШИЛАСЬ

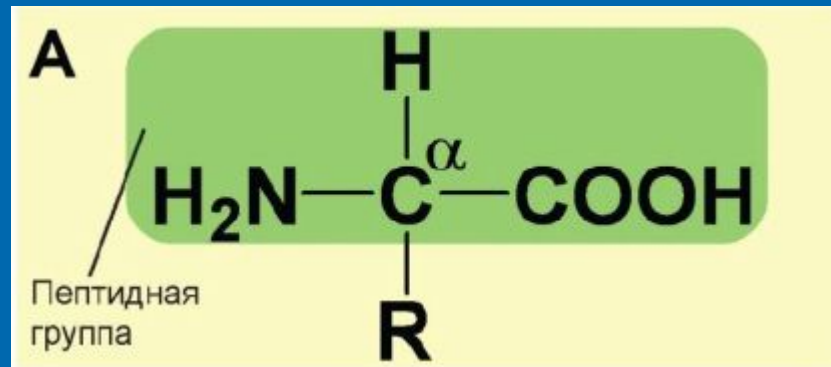


План лекции 3

- Аминокислоты.
- Первичная и вторичная структура белков.
- Третичная и четвертичная структура белков.
- Денатурация и фолдинг.
- Функции белков.



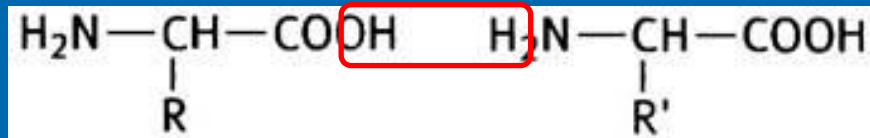
Аминокислоты



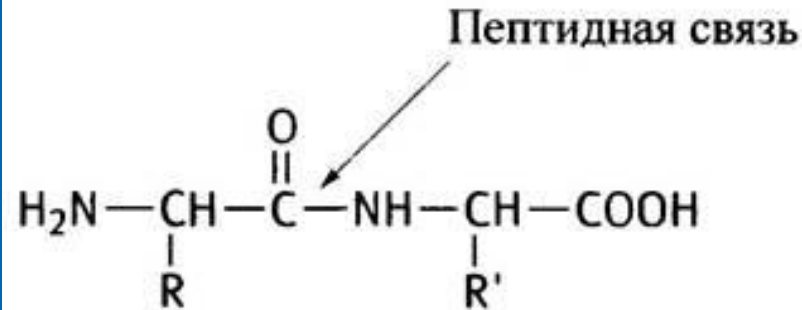
Классы аминокислот в зависимости от свойств R-групп:

- 1) Аминокислоты, содержащие неполярные (гидрофобные) радикалы
- 2) Аминокислоты с полярными незаряженными радикалами, способными образовывать водородные связи с водой.
- 3) Аминокислоты с отрицательно заряженными (кислыми) R-группами
- 4) Аминокислоты с положительно заряженными R-группами.

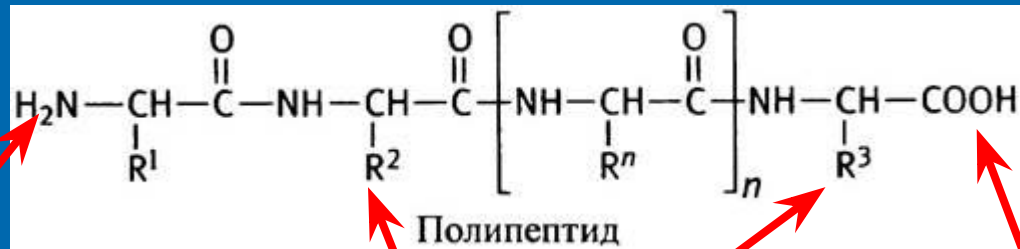
Первичная структура белков



Две аминокислоты



Дипептид

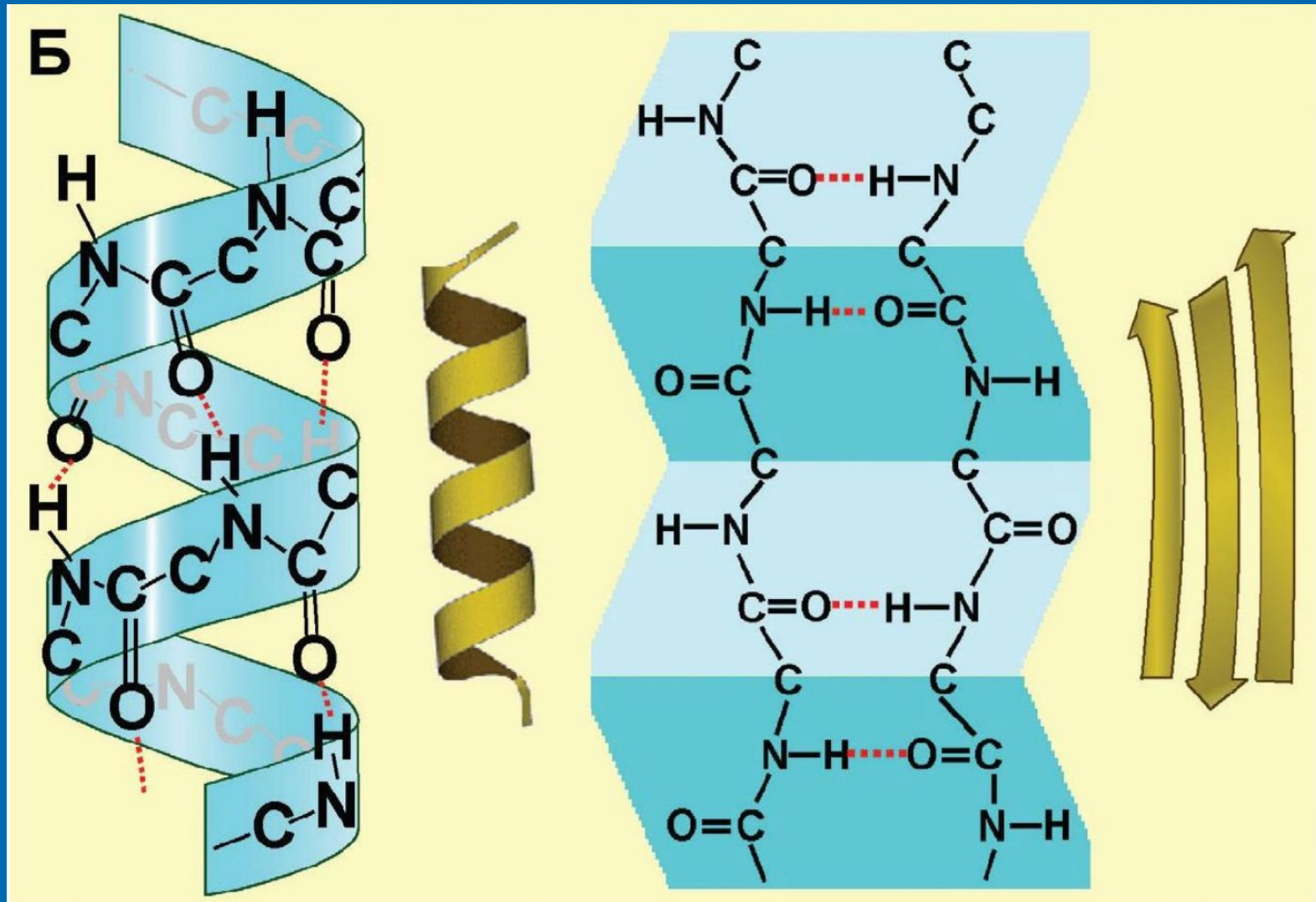


N-концевой
участок
(аминогруппа)

Боковые цепи

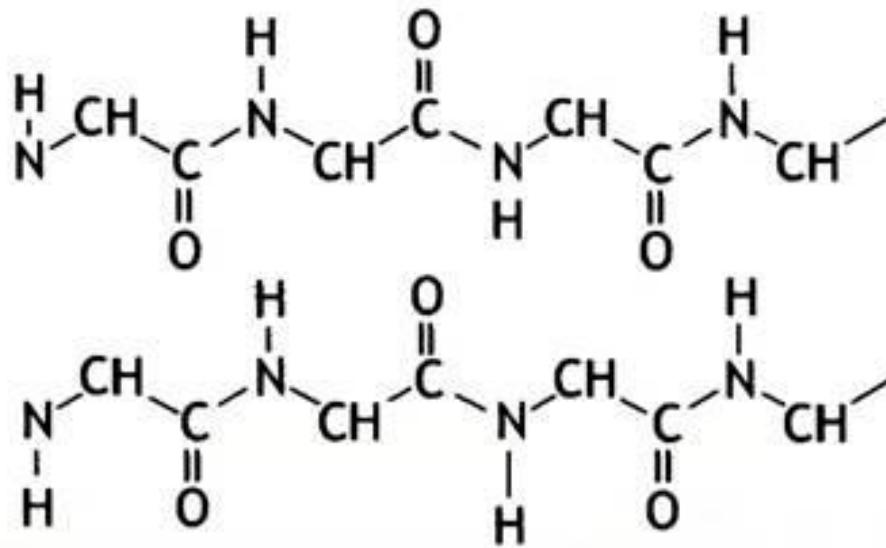
C-концевой
участок
(карбоксильная
группа)

Вторичная структура белков



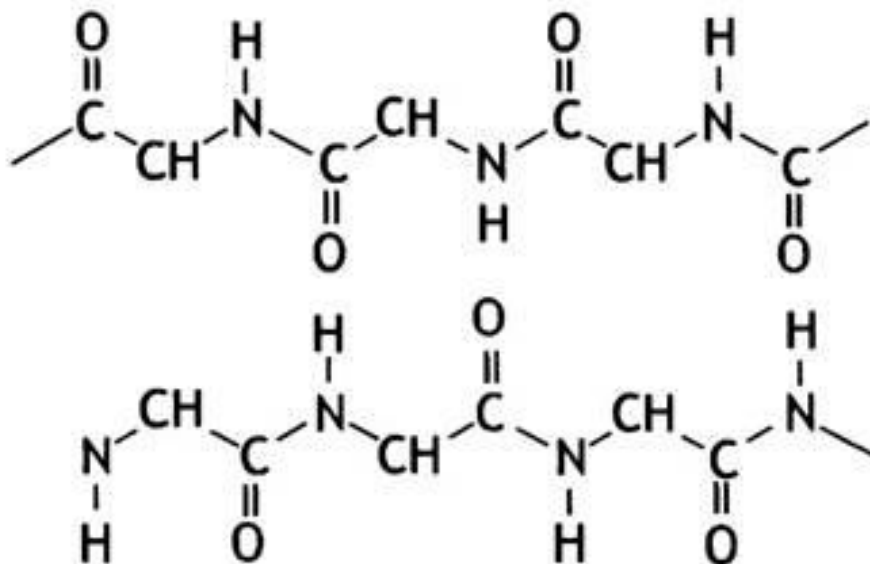
Слева направо: положение атомов в α -спирали; условное изображение α -спирали; положение атомов в β -слоях ; условное изображение β -слоев

a



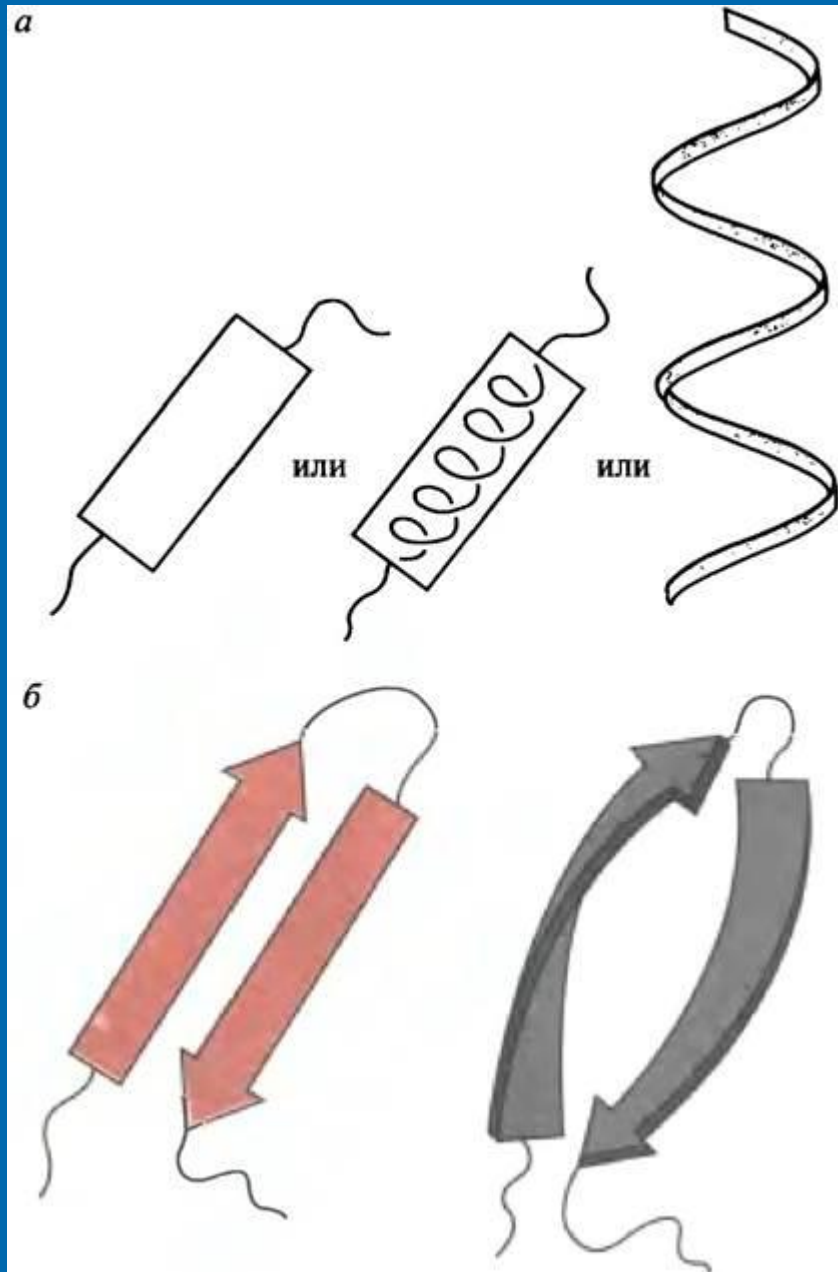
Участок параллельного β -складчатого слоя

б



Участок антипараллельного β -складчатого слоя

Вторичная структура белков



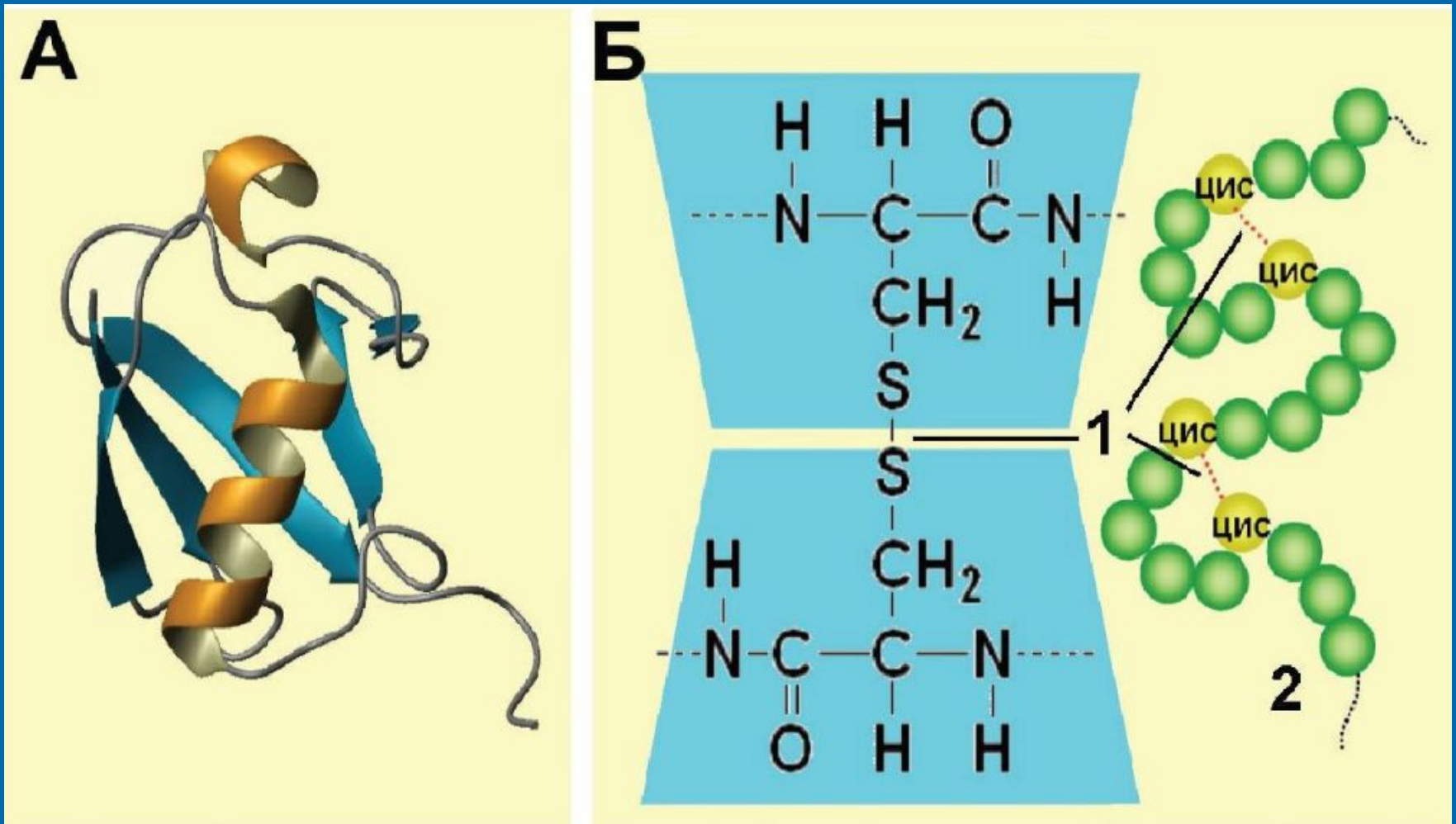
Символы, применяемые для изображения участков α -спирали (а) и β -складчатых листов (б). Справа показано их правостороннее искривление, характерное для антипараллельных слоев. Промежуточные петли и неупорядоченные участки цепи изображаются простой линией

Третичная структура белков

Типы взаимодействий между радикалами:

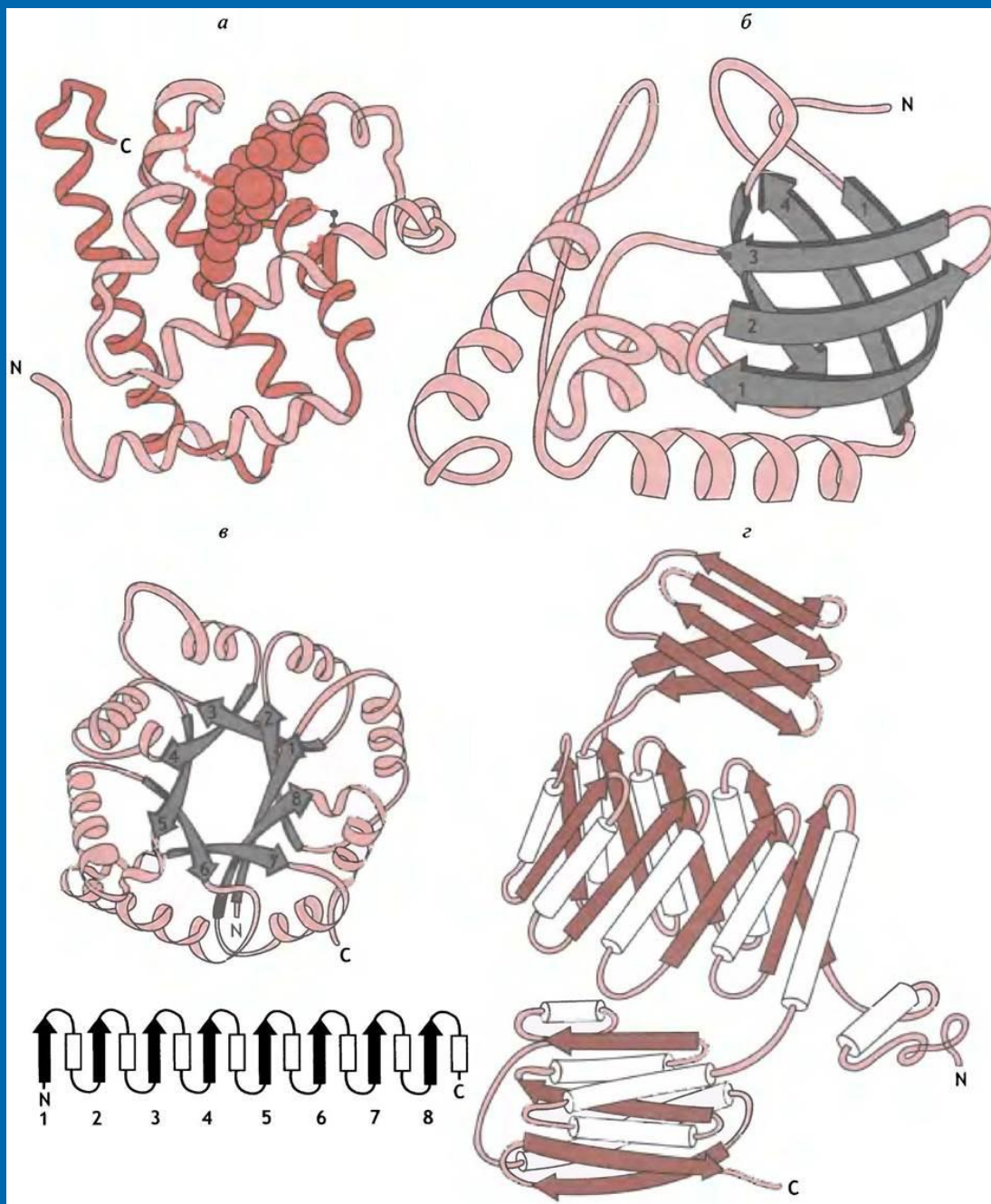
- Ковалентные связи между остатками двух цистеинов — так называемые дисульфидные мостики
- Ионные (электростатические) взаимодействия между противоположно заряженными радикалами аминокислотных остатков
- Водородные связи образуют все аминокислотные радикалы, имеющие гидроксильные, амидные или карбоксильные группы
- Гидрофобные взаимодействия возникают между неполярными радикалами в водной среде

Третичная структура белков



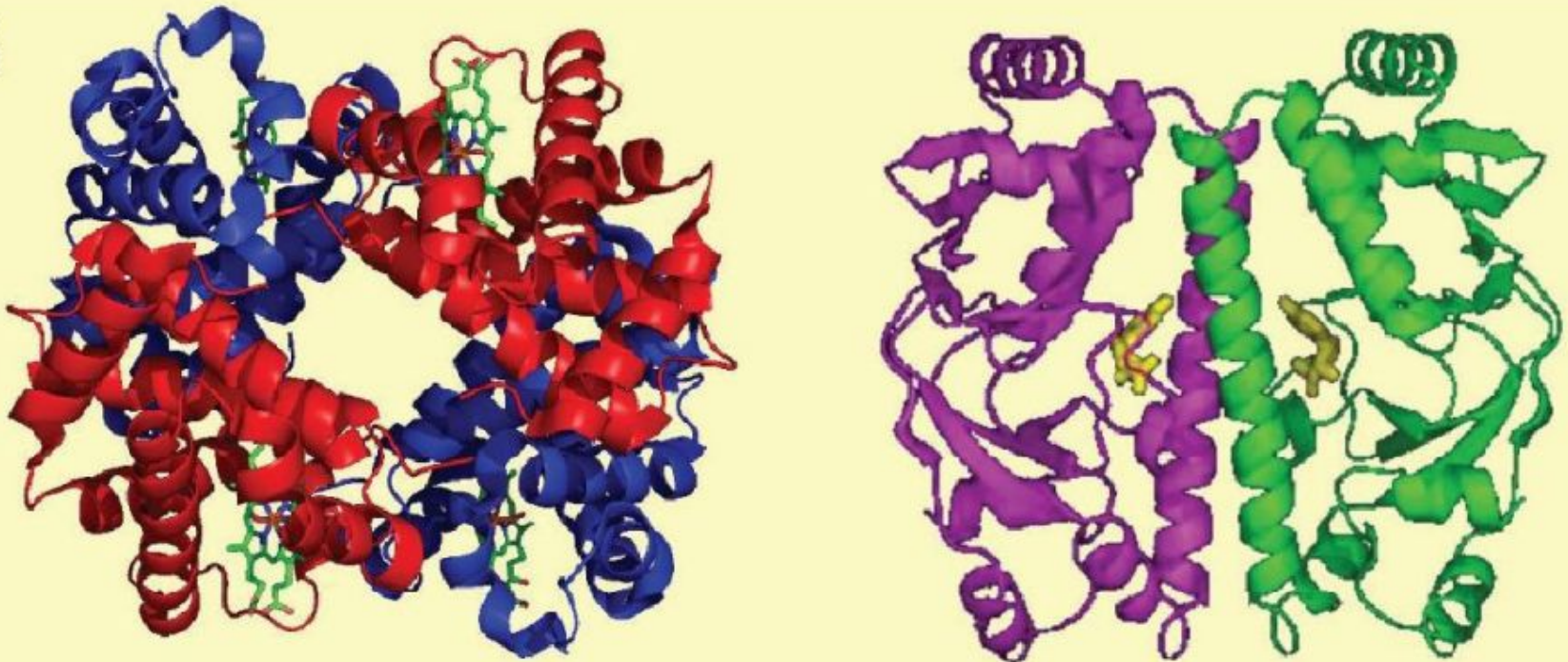
А — условное изображение третичной структуры;
Б — ковалентные связи в третичной структуре: 1 - дисульфидные мостики; 2 - полипептидная цепь

Третичная структура белков



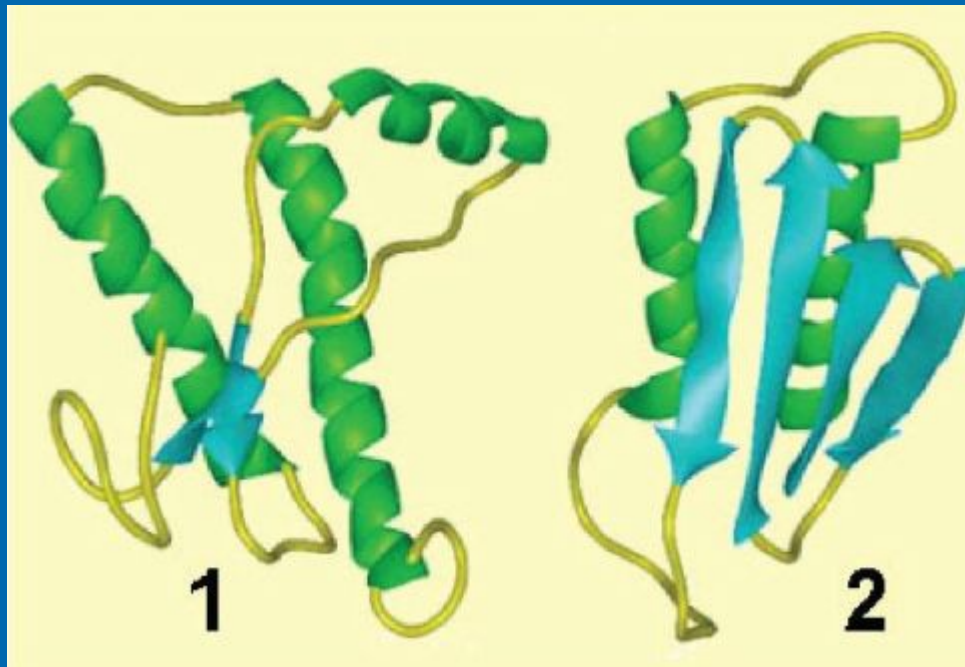
Четвертичная структура белков

В

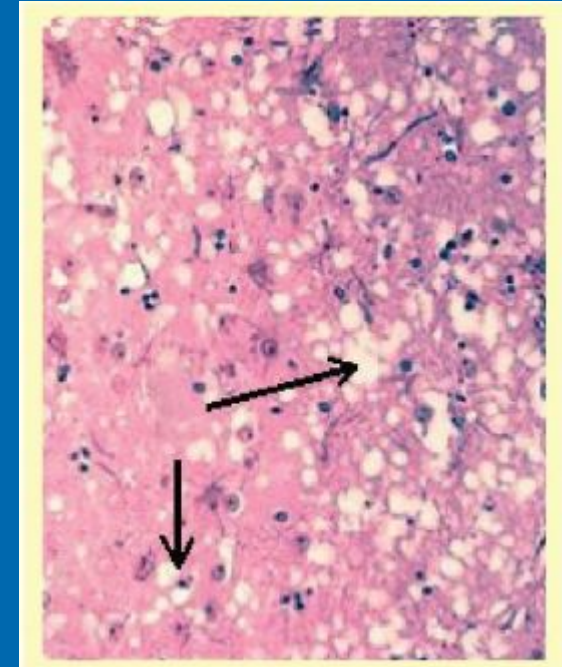


Различные четвертичные структуры. Разными цветами обозначены полипептидные цепочки (субъединицы)

Нарушения структуры белков



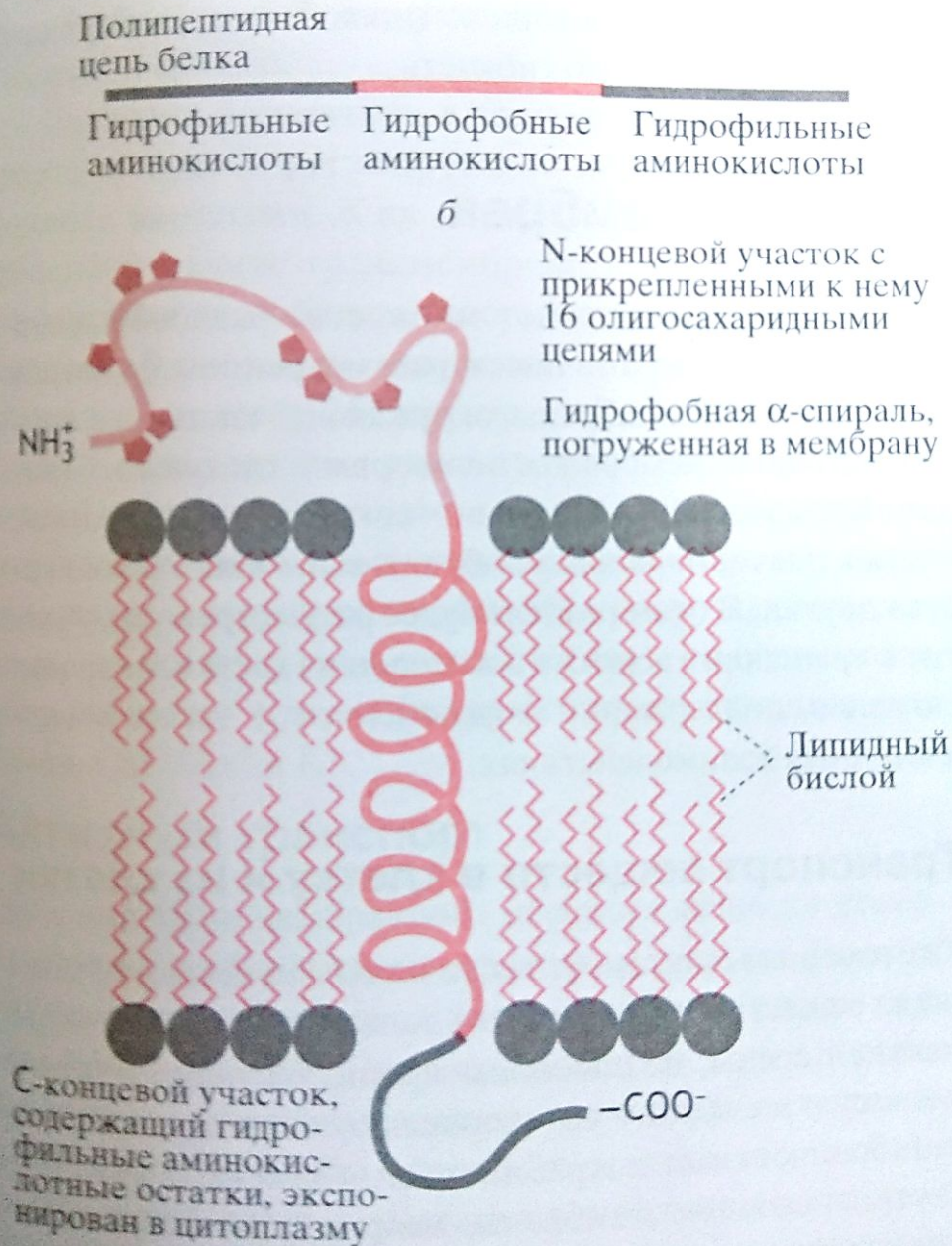
Две вторичные структуры прионного белка: 1 - нормальная конформация ; 2 - синтез комплементарных цепей; 3 – патологическая конформация



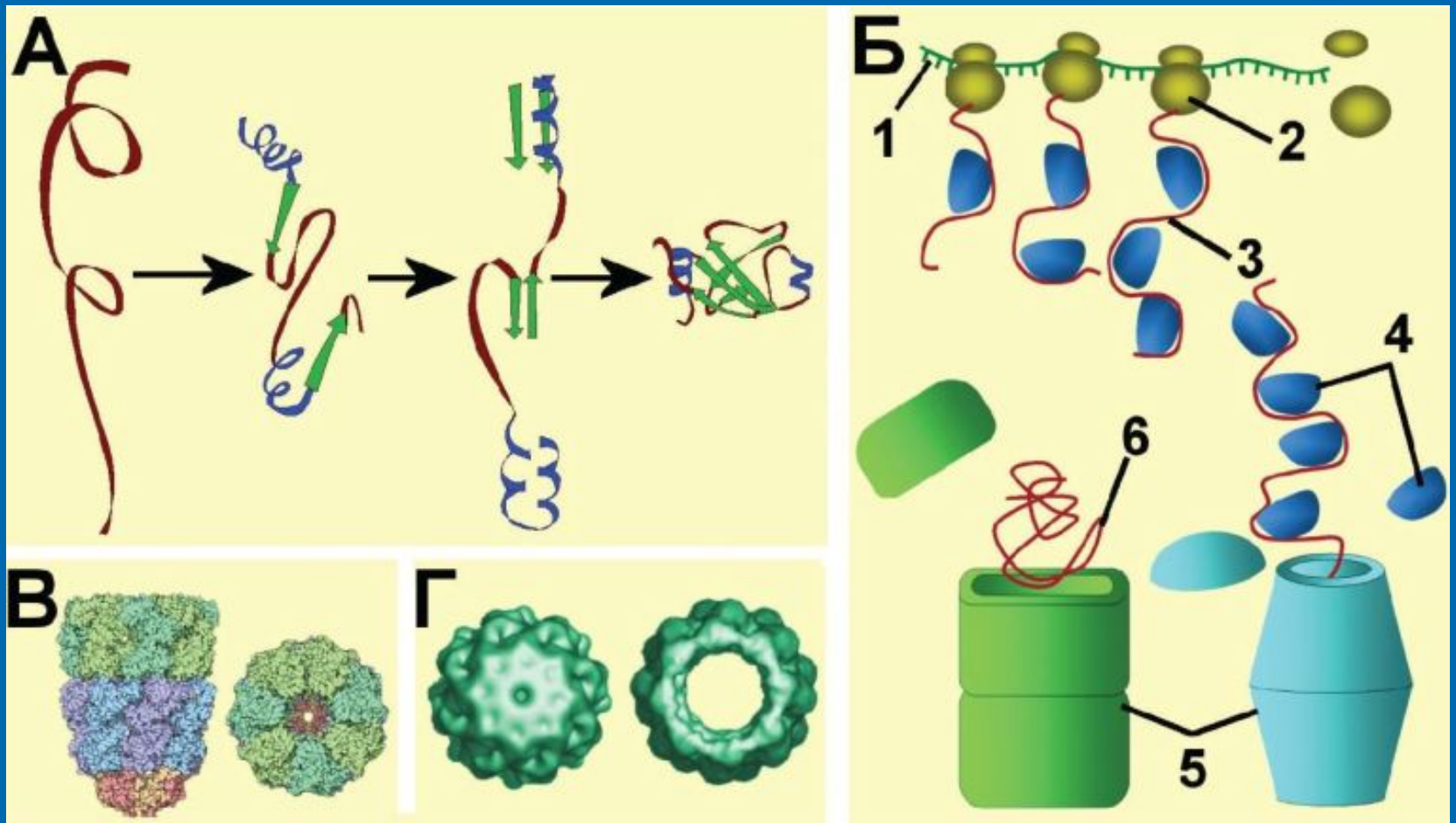
Гистологический препарат мозга больного с болезнью Крейцфельда — Якоба: Стрелками отмечены пустоты на месте погибших клеток

Мембранные белки

Структурная организация интегральных белков (а), и строение молекулы гликофорина (б).



Фолдинг



Посттрансляционная судьба белков в клетке. А - последовательные стадии сворачивания полипептида, Б – шапероны и шаперонины: 1 - мРНК ; 2 - рибосома; 3 - синтезируемый полипептид; 4 - шапероны; 5 - шаперонин, меняющий конформацию; 6 — полипептид, покидающий шаперонин; В - компьютерная модель шаперонина; Г — изменение внутреннего пространства шаперонина в ходе работы

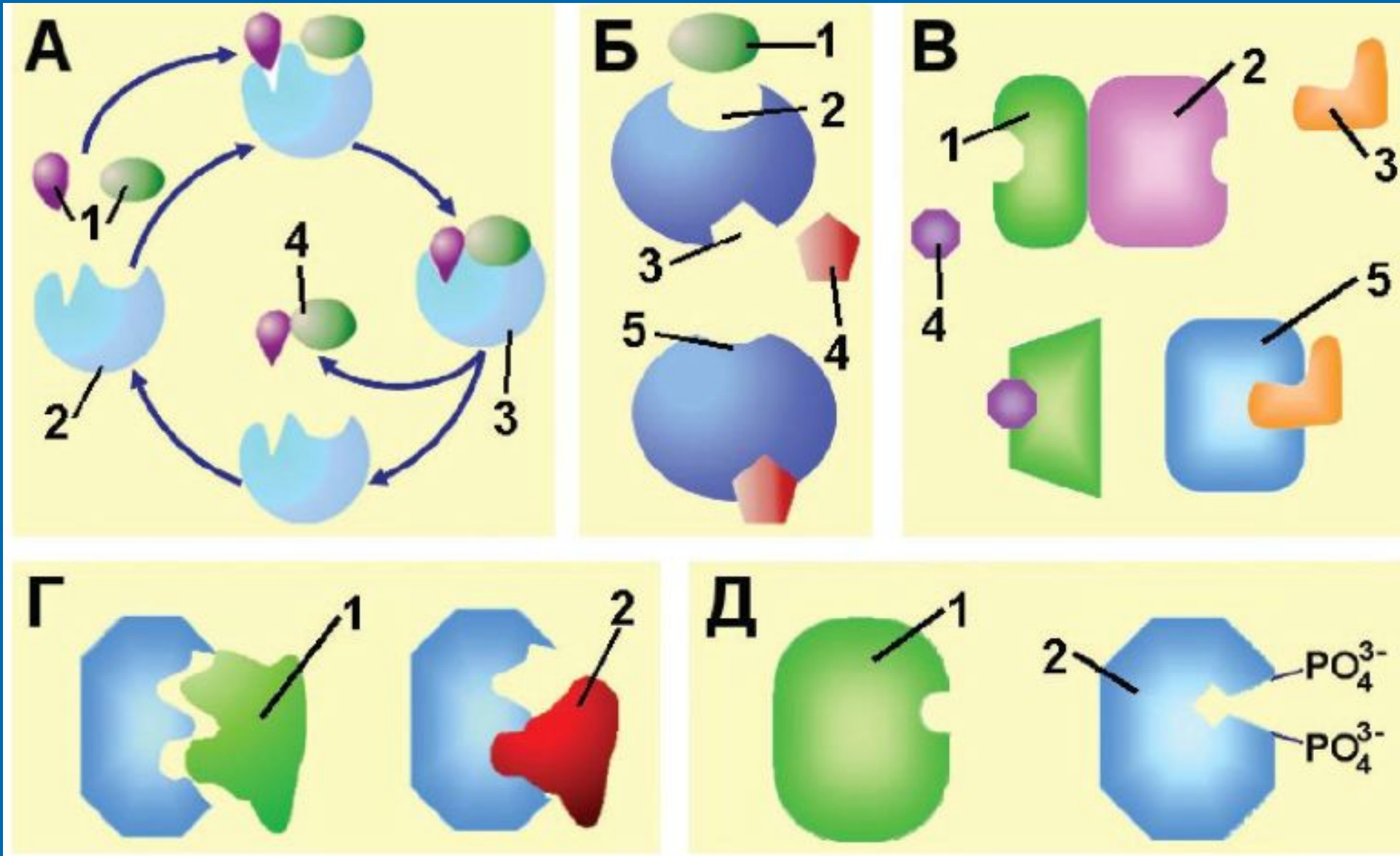
Функции белков

- Каталитическая
- Защитная
- Регуляторная
- Рецепторная
- Структурная
- Транспортная
- Трансформация энергии
- Питательная
- Энергетическая
- Буферная



Функции белков

• Каталитическая



Функции белков

- Каталитическая

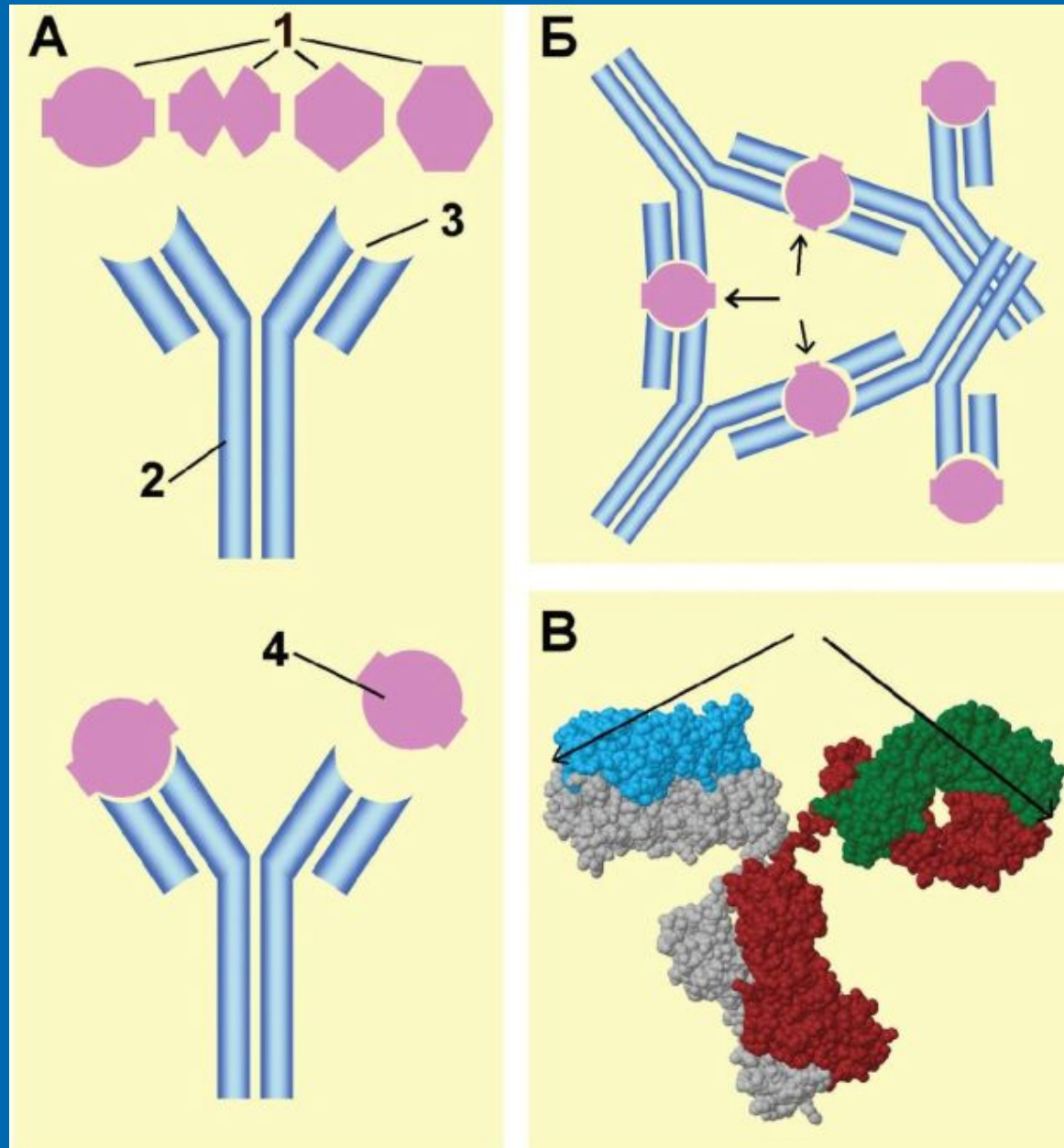
Классы ферментов:

- 1. Оксидоредуктазы
- 2. Трансферазы
- 3. Гидролазы
- 4. Лиазы
- 5. Изомеразы
- 6. Лигазаы



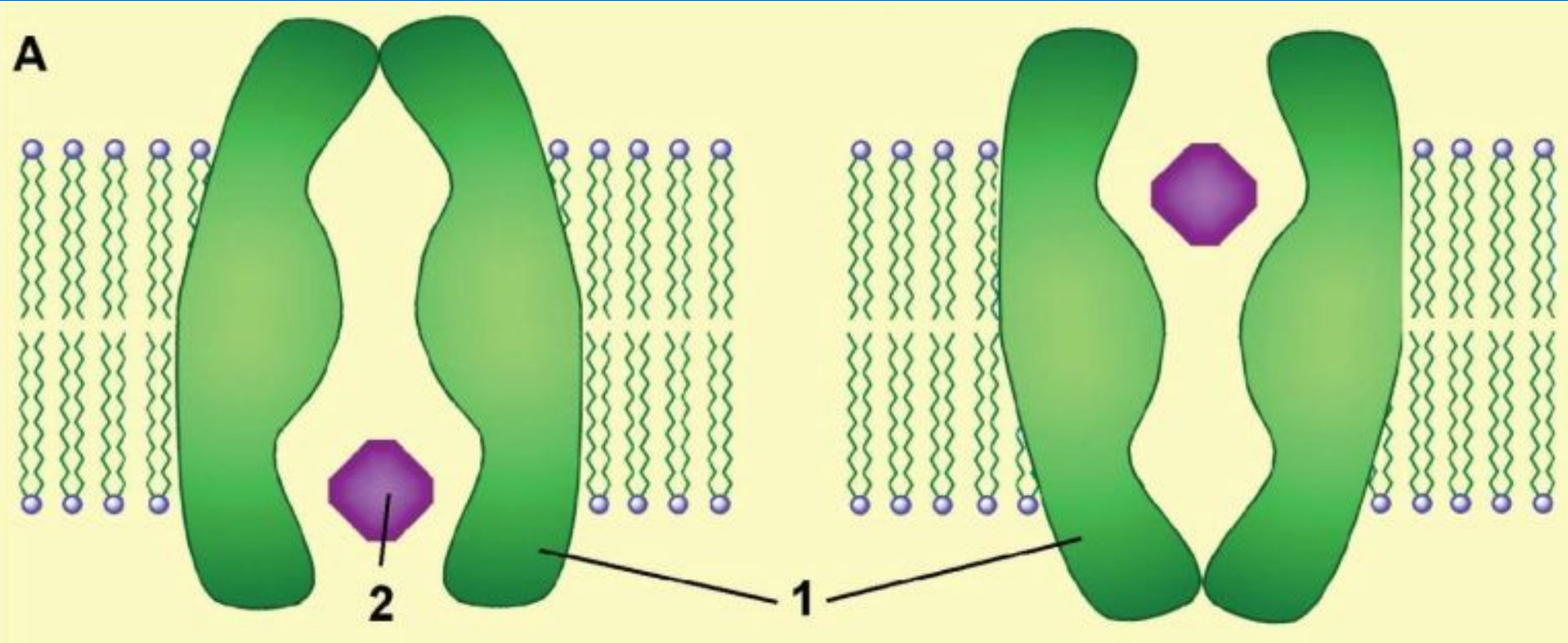
Функции белков

- Защитная



Функции белков

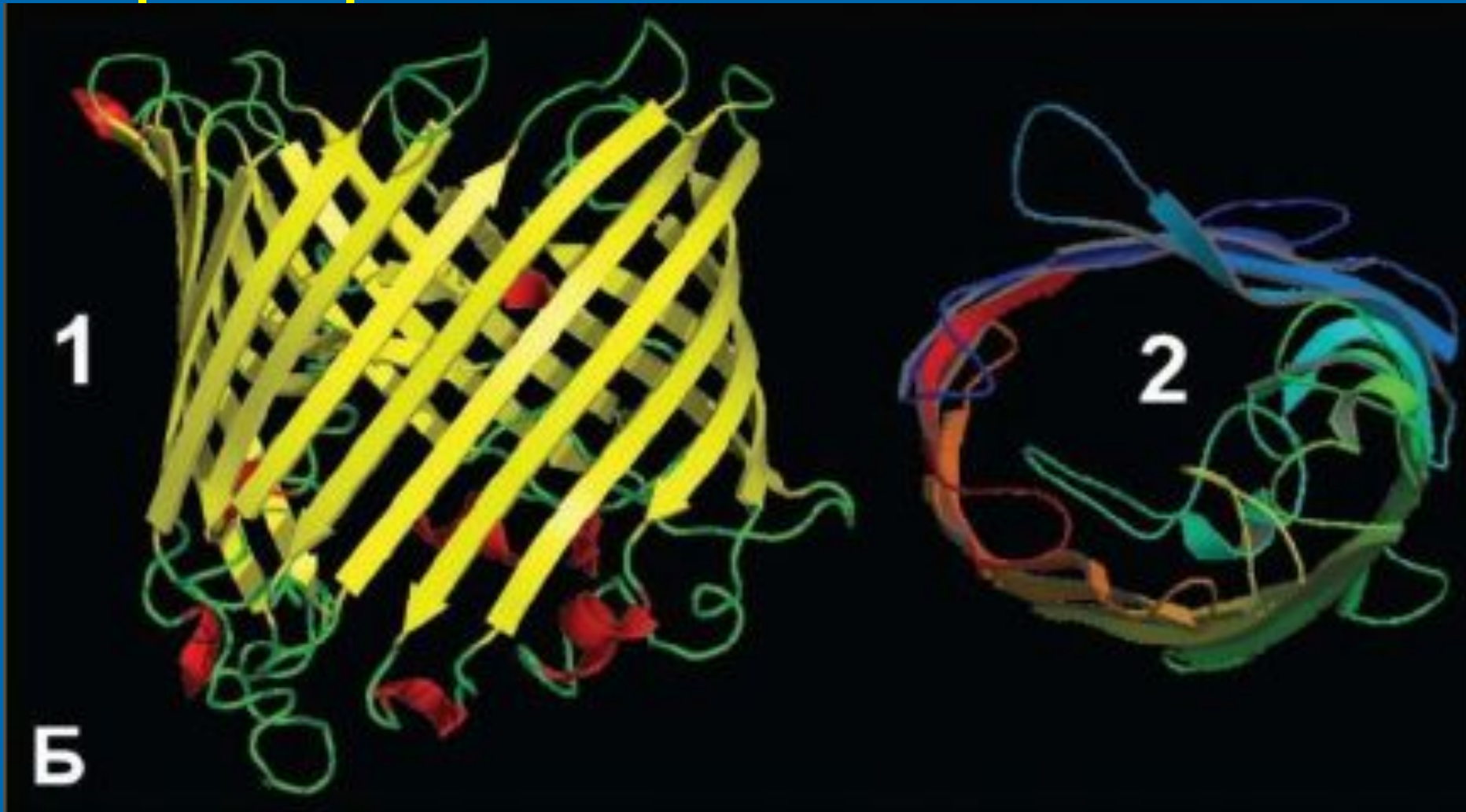
- Транспортная



1 — трансмембранный транспортный белок, 2 — транспортируемая молекула

Функции белков

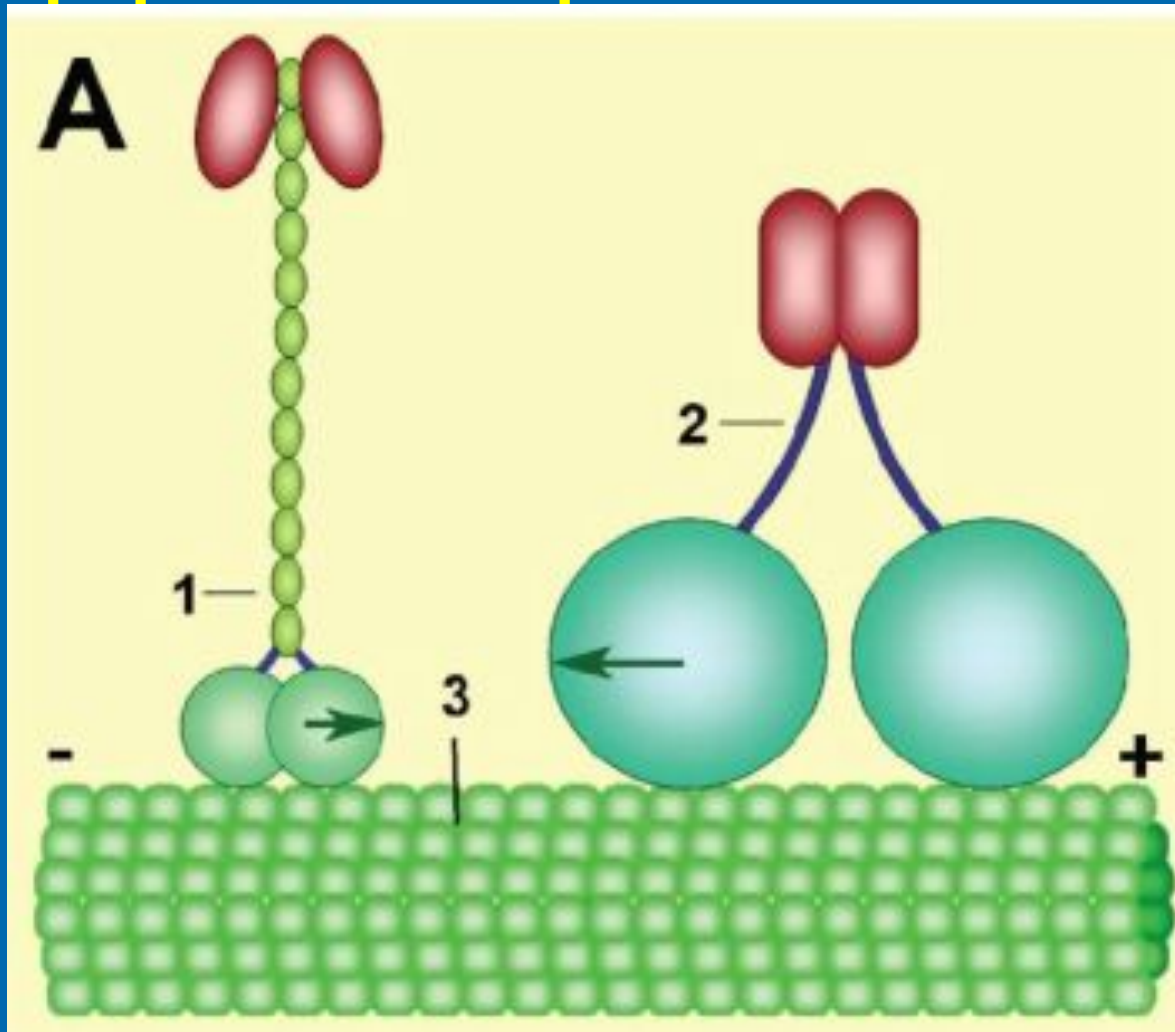
- Транспортная



Структура белка порина: 1 - «бочка» из бета -слоев мембранного белка порина; 2 - внутреннее пространство порина;

Функции белков

- Трансформация энергии

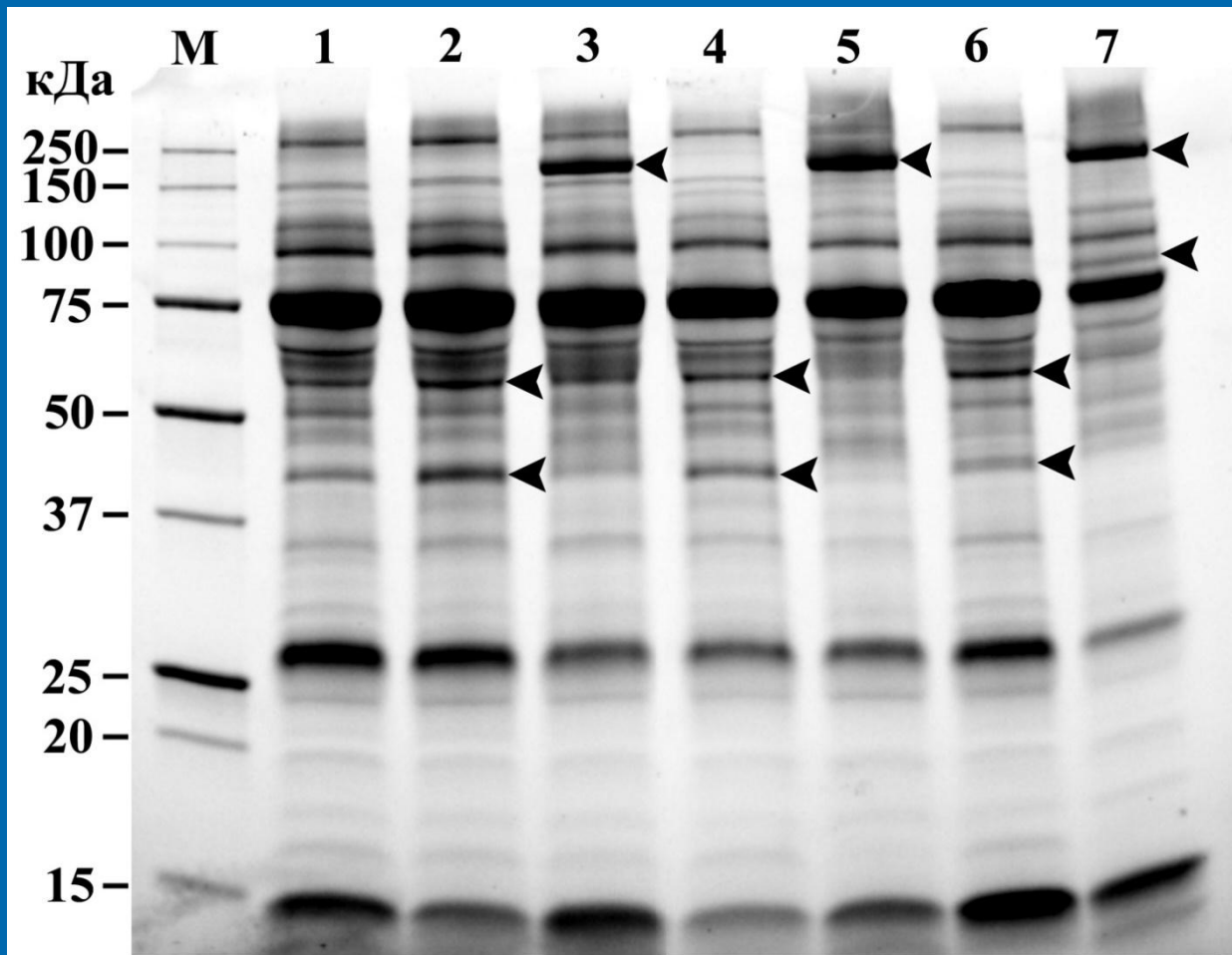


«Шагающие» белки: : 1 - кинезин; 2 - динеин; 3 - микротрубочка, состоящая из мономеров белка тубулина

V. Поиск паразитарных иммунорегуляторов белковой природы

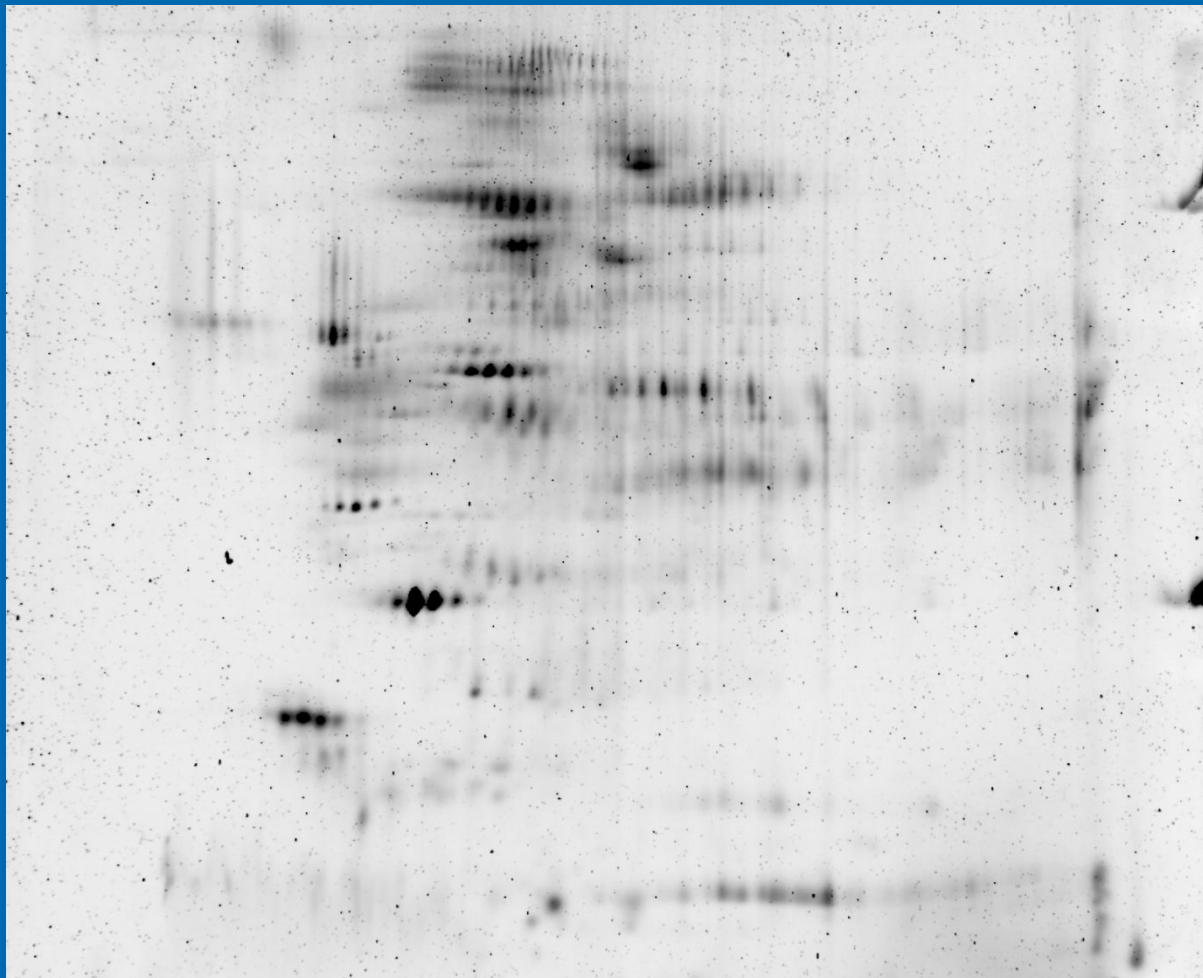


Секретом



Электрофореграмма белков инкубационной среды, содержащей сыворотку крови байкальского омуля и раствор Хенкса (1:1) до и после инкубирования в ней плероцеркоидов лентеца *D. dendriticum* в течение 3, 12 и 24 ч. Визуализация белков с использованием технологии Stain Free. М – маркерные белки. Стрелками указаны белковые фракции, в которых наблюдаются изменения (Кутырев и др., 2020)

Секретом



Протеомный профиль секреторно-экскретонных продуктов лентеца *D. dendriticum*. Белки были сфокусированы с использованием 3-10 нелинейного pH градиента для первого направления и 9-16% градиентного полиакриламидного геля (SDS-PAGE) для второго направления электрофореза.

Секретом



Высокоэффективная жидкостная хроматография с масс-спектрометрическим детектированием ВЭЖХ-МС/МС



ВЭЖХ-МС/МС

proteinGroups - Excel (Сбой активации продукта)

Файл Главная Вставка Разметка страницы Формулы Данные Рецензирование Вид Что вы хотите сделать? Общий доступ

Calibri 11 Шрифт Выравнивание Число Стили

Условное форматирование Форматировать как таблицу стилей Вставить Удалить Формат Ячейки

Автосумма Заполнить Очистить Редактирование

Сортировка и фильтр Найти и выделить

TRINITY_DN1920_c0_g1_i4.p1TRINITY_DN1920_c0_g1~TRINITY_DN1920_c0_g1_i4.p1ORFtype:completelen:2042(-);score=293.26TRINITY_DN1920_c0_g1_i4:608-6424(-)

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W
1	Protein ID: Majority p	Peptide coi	Peptide coi	Peptide coi	Fasta heac	Number of Peptides	Razor + uni	Unique per	Peptides 3	Peptides 4	Peptides 5	Razor + uni	Razor + uni	Razor + uni	Unique per	Unique per	Unique per	Sequence	Unique + r	Unique set	Mol		
2	TRINITY_C	TRINITY_C 38;22	38;22	38;22	TRINITY_C	2	38	38	31	27	31	27	31	27	31	27	31	27	31	25,3	25,3	25,3	219,
3	TRINITY_C	TRINITY_C 31;25	31;25	31;25	TRINITY_C	2	31	31	31	23	24	28	23	24	28	23	24	28	35,5	35,5	35,5	125,	
4	TRINITY_C	TRINITY_C 31;27;18	31;27;18	31;27;18	TRINITY_C	3	31	31	31	22	23	24	22	23	24	22	23	24	34,2	34,2	34,2	125,	
5	TRINITY_C	TRINITY_C 28;27;27;1	28;27;27;1	28;27;27;1	TRINITY_C	4	28	28	28	23	18	19	23	18	19	23	18	19	35,2	35,2	35,2	109,	
6	TRINITY_C	TRINITY_C 27;26;26	27;26;26	27;26;26	TRINITY_C	3	27	27	27	20	15	16	20	15	16	20	15	16	14,6	14,6	14,6	251,	
7	TRINITY_C	TRINITY_C 21;20;17;1	21;20;17;1	21;20;17;1	TRINITY_C	12	21	21	21	13	16	14	13	16	14	13	16	14	42,5	42,5	42,5	64,8	
8	TRINITY_C	TRINITY_C 20;12;6	20;12;6	20;12;6	TRINITY_C	3	20	20	20	15	13	18	15	13	18	15	13	18	26,7	26,7	26,7	85,6	
9	TRINITY_C	TRINITY_C 20;19;19;1	20;19;19;1	20;19;19;1	TRINITY_C	4	20	20	20	19	16	13	19	16	13	19	16	13	38,9	38,9	38,9	63,8	
10	TRINITY_C	TRINITY_C 20;20;20;8	20;20;20;8	20;20;20;8	TRINITY_C	7	20	20	20	17	17	16	17	17	16	17	16	17	36,7	36,7	36,7	70,5	
11	TRINITY_C	TRINITY_C	20	20	TRINITY_C	1	20	20	20	18	16	16	18	16	16	18	16	16	24,5	24,5	24,5	123,	
12	TRINITY_C	TRINITY_C 18;16;6;1	2;0;0;0	0;0;0;0	TRINITY_C	4	18	2	0	14	15	16	1	1	2	0	0	0	53,9	6,9	0	37,2	
13	TRINITY_C	TRINITY_C	18	18	0	TRINITY_C	1	18	18	0	15	16	15	16	16	0	0	0	55,7	55,7	0	36,1	
14	TRINITY_C	TRINITY_C 17;17;17;1	17;17;17;1	17;17;17;1	TRINITY_C	11	17	17	17	13	12	11	13	12	11	13	12	11	32,5	32,5	32,5	71,9	
15	TRINITY_C	TRINITY_C 17;15;14;9	6;6;6;2	3;3;3;0;1	TRINITY_C	5	17	6	3	16	16	17	6	6	6	3	3	53,6	18,9	7,1	36,1		
16	TRINITY_C	TRINITY_C 16;16;16;1	16;16;16;1	16;16;16;1	TRINITY_C	6	16	16	16	9	8	10	9	8	10	9	8	10	9,5	9,5	9,5	222,	
17	TRINITY_C	TRINITY_C 16;8;8;7;6	16;8;8;7;6	2;0;0;2;0	TRINITY_C	5	16	16	2	15	14	11	15	14	11	2	2	58	58	6,1	37,7		
18	TRINITY_C	TRINITY_C 16;14	3;3	0;0	TRINITY_C	2	16	3	0	13	14	13	3	2	2	0	0	50,8	10,5	0	35,4		
19	TRINITY_C	TRINITY_C 16;16;6;2	16;16;6;2	15;15;5;2	TRINITY_C	4	16	16	15	13	16	13	13	16	13	12	15	12	53,8	53,8	49,5	41,3	
20	TRINITY_C	TRINITY_C 16;15;10;1	16;15;10;1	16;15;10;1	TRINITY_C	4	16	16	16	13	10	10	13	10	10	13	10	13	32	32	32	71,2	
21	TRINITY_C	TRINITY_C	16	16	TRINITY_C	1	16	16	16	12	13	13	12	13	13	12	13	13	42,3	42,3	42,3	40,1	
22	TRINITY_C	TRINITY_C 15;2	15;2	10;0	TRINITY_C	2	15	15	10	12	12	11	12	12	11	8	8	57,4	57,4	35,9	26,7		
23	TRINITY_C	TRINITY_C 15;12;8;6;4	15;12;8;6;4	15;12;8;6;4	TRINITY_C	9	15	15	15	12	12	9	12	12	9	12	12	9	17	17	17	123,	
24	TRINITY_C	TRINITY_C	15	1	1	TRINITY_C	1	15	1	14	12	9	1	0	0	1	0	0	60,6	2,6	2,6	33,6	
25	TRINITY_C	TRINITY_C 15;15;8;7;€	15;15;8;7;€	15;15;8;7;€	TRINITY_C	6	15	15	15	10	13	14	10	13	14	10	13	14	27,9	27,9	27,9	64,4	
26	TRINITY_C	TRINITY_C 15;15;6;6;€	15;15;6;6;€	15;15;6;6;€	TRINITY_C	5	15	15	15	10	11	9	10	11	9	10	11	9	19,6	19,6	19,6	103,	
27	TRINITY_C	TRINITY_C 15;15	15;15	15;15	TRINITY_C	2	15	15	15	11	14	12	11	14	12	11	14	12	47	47	47	41,0	
28	TRINITY_C	TRINITY_C	14	14	14	TRINITY_C	1	14	14	13	10	12	13	10	12	13	10	12	28,7	28,7	28,7	61,0	
29	TRINITY_C	TRINITY_C 14;13;13;1	14;13;13;1	14;13;13;1	TRINITY_C	8	14	14	14	12	12	10	12	12	10	12	12	10	23,4	23,4	23,4	84,1	
30	TRINITY_C	TRINITY_C 14;11;9;7	14;11;9;7	14;11;9;7	TRINITY_C	4	14	14	14	10	13	10	10	13	10	10	13	10	20,1	20,1	20,1	91,7	

proteinGroups

Идентификация белков секрета

Дифиллоботриум. Белки по по нг и swissprot [Только для чтения] - Excel (Сбой активации продукта)

Excel ribbon: Главная, Вставка, Разметка страницы, Формулы, Данные, Рецензирование, Вид, Что вы хотите сделать? (Общий доступ)

Font: Arial, 10, Bold, Italic, Underline, Text color, Background color, Paragraph (Align, Bullets, Indent), Styles (Conditional formatting, Table, Cell styles), Editing (Paste, Copy, Paste as, Merge and center, Undo, Redo), Calculation (AutoSum, Fill, Clear), Sort and Filter, Find and Select.

Наименование транскрипта	Хиты по NCBI (6/д от ? 22.03.2020 r)	Хиты по Swissprot (6/д от 07.2020)
	Subject % Id Evalue TaxID Hit title	Subject % Id Evalue Hit title
TRINITY_DN0_c0_g1_i1.p1	VZI23608.93.7 0.0e+00 64606 VZI23608.1 unnamed protein product [Sparganum proliferum]	sp P24733 69.8 0.0e+00 sp P24733 MYO_ARGIR Myosin heavy chain, striated muscle OS=Argopecten irradians OX=9615 GN=MYH16 PE=1 SV=1
	VDL912790.4 0.0e+00 70667 VDL91278.1 unnamed protein product [Schistocephalus solidus]	sp F1PT61 63.3 4.5e-307 sp F1PT61 MYH16_CANLF Myosin-16 OS=Canis lupus familiaris OX=9615 GN=MYH16 PE=1 SV=1
	CDS246188.8 0.0e+00 6210 CDS24615.1 myosin heavy chain [Echinococcus granulosus]	sp Q91283 61.3 2.8e-293 sp Q91283 MYH7_MOUSE Myosin-7 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Myh7 PE=2 SV=1
	XP_024388.8 0.0e+00 6210 XP_024352951.1 Myosin heavy chain, striated muscle [Echinococcus granulosus]	sp P49824 61.2 4.0e-292 sp P49824 MYH7_CANLF Myosin-7 OS=Canis lupus familiaris OX=9615 GN=MYH7 PE=1 SV=1
	CDS415188.7 0.0e+00 6211 CDS41550.1 myosin heavy chain [Echinococcus multilocularis]	sp P12883 61.0 1.2e-291 sp P12883 MYH7_HUMAN Myosin-7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYH7 PE=1 SV=5
	VUZ559188.7 0.0e+00 6216 VUZ55915.1 unnamed protein product [Hymenolepis diminuta]	sp P02561 61.0 1.5e-291 sp P02561 MYH7_RAT Myosin-7 OS=Rattus norvegicus OX=10116 GN=Myh7 PE=1 SV=2
	VDN988189.3 0.0e+00 1E+05 VDN98879.1 unnamed protein product [Rodentolepis nana]	sp Q8M60 60.6 2.9e-290 sp Q8MJU9 MYH7_HORSE Myosin-7 OS=Equus caballus OX=9796 GN=MYH7 PE=2 SV=1
	CDS331189.1 0.0e+00 85433 CDS33163.1 myosin heavy chain [Hymenolepis microstoma]	sp P79293 60.7 4.9e-290 sp P79293 MYH7_PIG Myosin-7 OS=Sus scrofa OX=9823 GN=MYH7 PE=2 SV=2
	VDD747187.7 0.0e+00 53468 VDD74731.1 unnamed protein product [Mesocestoides corti]	sp P13540 60.7 6.5e-290 sp P13540 MYH7_MESAU Myosin-7 OS=Mesocricetus auratus OX=10036 GN=MYH7 PE=2 SV=1
	VDK408088.4 0.0e+00 60517 VDK40809.1 unnamed protein product [Taenia asiatica]	sp Q98E60 60.7 3.2e-289 sp Q98E39 MYH7_BOVIN Myosin-7 OS=Bos taurus OX=9913 GN=MYH7 PE=1 SV=1
TRINITY_DN0_c0_g1_i18.p1	VZI23608.95.8 0.0e+00 64606 VZI23608.1 unnamed protein product [Sparganum proliferum]	sp P24771.1 0.0e+00 sp P24733 MYO_ARGIR Myosin heavy chain, striated muscle OS=Argopecten irradians OX=9615 GN=MYH16 PE=1 SV=1
	VDL976986.9 0.0e+00 70667 VDL97698.1 unnamed protein product [Schistocephalus solidus]	sp F1PT61 63.8 2.5e-310 sp F1PT61 MYH16_CANLF Myosin-16 OS=Canis lupus familiaris OX=9615 GN=MYH16 PE=1 SV=1
	VDL912791.3 0.0e+00 70667 VDL91278.1 unnamed protein product [Schistocephalus solidus]	sp Q91283 61.9 3.2e-297 sp Q91283 MYH7_MOUSE Myosin-7 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Myh7 PE=2 SV=1
	CDS246189.4 0.0e+00 6210 CDS24615.1 myosin heavy chain [Echinococcus granulosus]	sp P498 61.8 4.6e-296 sp P49824 MYH7_CANLF Myosin-7 OS=Canis lupus familiaris OX=9615 GN=MYH7 PE=1 SV=1
	XP_024389.4 0.0e+00 6210 XP_024352951.1 Myosin heavy chain, striated muscle [Echinococcus granulosus]	sp P128 61.6 1.8e-295 sp P12883 MYH7_HUMAN Myosin-7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYH7 PE=1 SV=5
	CDS415189.3 0.0e+00 6211 CDS41550.1 myosin heavy chain [Echinococcus multilocularis]	sp P025 61.7 1.8e-295 sp P02561 MYH7_RAT Myosin-7 OS=Rattus norvegicus OX=10116 GN=Myh7 PE=1 SV=2
	VUZ559189.3 0.0e+00 6216 VUZ55915.1 unnamed protein product [Hymenolepis diminuta]	sp Q8M 61.2 1.9e-294 sp Q8MJU9 MYH7_HORSE Myosin-7 OS=Equus caballus OX=9796 GN=MYH7 PE=2 SV=1
	CDS331189.5 0.0e+00 85433 CDS33163.1 myosin heavy chain [Hymenolepis microstoma]	sp P792 61.3 3.3e-294 sp P79293 MYH7_PIG Myosin-7 OS=Sus scrofa OX=9823 GN=MYH7 PE=2 SV=2
	VDD747188.2 0.0e+00 53468 VDD74731.1 unnamed protein product [Mesocestoides corti]	sp P135 61.3 7.4e-294 sp P13540 MYH7_MESAU Myosin-7 OS=Mesocricetus auratus OX=10036 GN=MYH7 PE=2 SV=1
	VDN988189.5 0.0e+00 1E+05 VDN98879.1 unnamed protein product [Rodentolepis nana]	sp Q98E 61.3 2.1e-293 sp Q98E39 MYH7_BOVIN Myosin-7 OS=Bos taurus OX=9913 GN=MYH7 PE=1 SV=1
TRINITY_DN1_c0_g1_i1.p1	VZH9945197.5 2.8e-13 64606 VZH99451.1 unnamed protein product [Sparganum proliferum]	sp P426 77.8 9.6e-09 sp P42638 TPM2_SCHMA Tropomyosin-2 OS=Schistosoma mansoni OX=6183 PE=2 SV=1
	VDN3426100.0 7.0e-12 60516 VDN34263.1 unnamed protein product [Dibothriocephalus latus]	sp Q251 70.3 1.5e-06 sp Q25145 TPM_HALRU Tropomyosin OS=Haliotis rufescens OX=6454 PE=2 SV=1
	MTV288751.1 6.5e-10 53468 MTV28877.1 tropomyosin [Nitriliruptoraceae bacterium ZYF776]	sp Q2V0 69.7 7.6e-06 sp Q2V0V2 TPM_TODPA Tropomyosin Tod p.1.0102 OS=Todarodes pacificus OX=6637 GN=6637
	VDD809188.9 6.5e-10 53468 VDD80930.1 unnamed protein product [Mesocestoides corti]	sp Q9G2 60.0 4.9e-05 sp Q9G269 TPM_MIMNO Tropomyosin OS=Mimachlamys nobilis OX=106276 PE=1 SV=1
	XP_024386.7 3.2e-09 6210 XP_024348138.1 Tropomyosin-2 [Echinococcus granulosus]	sp O023 55.6 2.4e-04 sp O02389 TPM_CHLNI Tropomyosin OS=Chlamys nipponensis akazara OX=6571 PE=2 SV=1
	AAW247179.9 1.6e-08 6182 AAW24754.1 unknown [Schistosoma japonicum]	
	VDL9440092.3 6.7e-07 70667 VDL94400.1 unnamed protein product [Schistocephalus solidus]	
	VDI9440096.4 1.6e-03 70667 VDI94400.1 unnamed protein product [Schistocephalus solidus]	