Level 4

Выбор гена

выбор пал на ENSG00000196805

Аминокислотная последовательность

Воспользовавшись e!Ensembl быстро и непринужденно узнаем что белок выглядит следующим образом

```
MSYQQQQCKQPCQPPPVCPTPKCPEPCPPPKCPEPCPPPKCPQPCPPQQCQQKYPPVTPSPPCQPKYPPKSK*
```

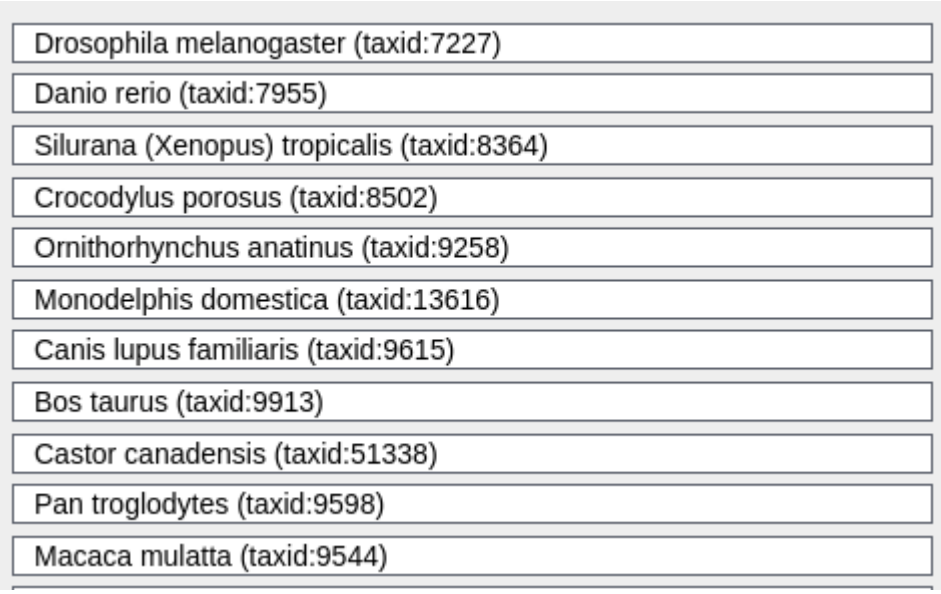
Имя ему **SPRR2B**, так и назовём файл

Согласно Яндекс нейро

```
Предполагают, что ген участвует в дифференцировке кератиноцитов
```

Добавление организмов

После продлжительного повторения итерации ЛКМ -> Ctrl+C -> ЛКМ -> Ctrl+V -> ЛКМ, получаем красивое

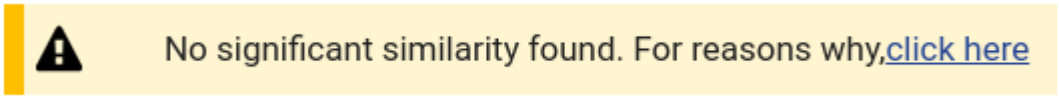


BLAST нажат, иду за чаем, как и приказано

P.S. бобра оценил

Результаты(не результаты)

Пама-пам-пам, с первого раза и не могло не получиться



есть предположение что пробелма в том что при парсинге пептидной последовательности я указал датасет человеческих генов, а надо что-то более общее

нет, если взять датасет мышей, вообще ничего не находит значит нужен точно человеческий

поробуем не мелочиться и взять все гены, а дальше уже пробовать на каждом

не знаю, кстати, почему но e!Ensembl разучился загружать fasta файл, и возвращает мне txt при выбраном fasta

Рил - результаты

и вау вау вау, что-то мы да получили

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	PREDICTED: Pan troglodytes histatin 3 (HTN3), mRNA	Pan troglodytes	76.3	76.3	100%	8e-17	78.85%	533	XM_003950334.3
☑	PREDICTED: Pan troglodytes histatin 1 (HTN1), transcript variant X1, mRNA	Pan troglodytes	60.5	60.5	100%	1e-10	63.79%	597	XM_001143678.6
☑	PREDICTED: Pan troglodytes histatin 1 (HTN1), transcript variant X2, mRNA	Pan troglodytes	52.4	52.4	100%	1e-07	64.71%	576	XM_054683968.1

но это всё не то, очевидно одного бедного шимпанзе не хватит для построения филогенетического дерева

будем искать и пробовать пока не найдётся что-то поинтереснее

и вот всего ничего, проканал прекрасный **ONECUT3**

и вновь справка от яндекс нейро:

```
Ген ONECUT3 (One Cut Homeobox 3) участвует в регуляции различных процессов,
среди которых:

- Развитие внутрипечёночных желчевыводящих путей у рыбок данио.

- Развитие бета-клеток и нервной системы.

- Метаболизм простаноидов и, возможно, регуляция стемности рака и иммунной
эвазии при раке поджелудочной железы.
```

после фильтрации получаем 154 отборные записи

файлик

отформатировали файлик скриптом

результат

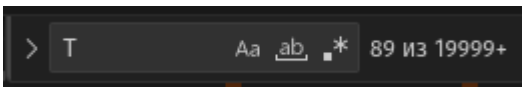
Любопытно кстати что в задании сказанно

```
кодирующую последовательность РНК
```

но потом советуется

```
выбрать нужно coding DNA
```

на что ожидаемо в файле куса тиминов



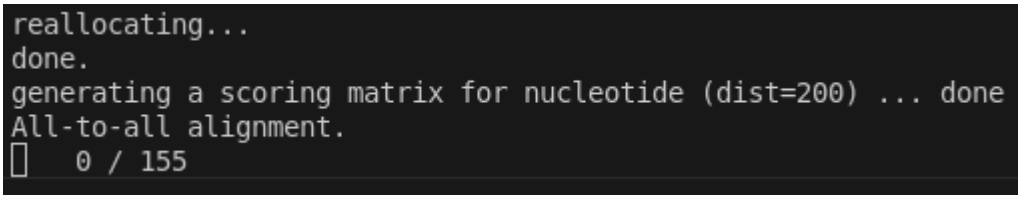
и ни одного урацильчика

будем надеяться что *Mr.Bayes* итак схавает

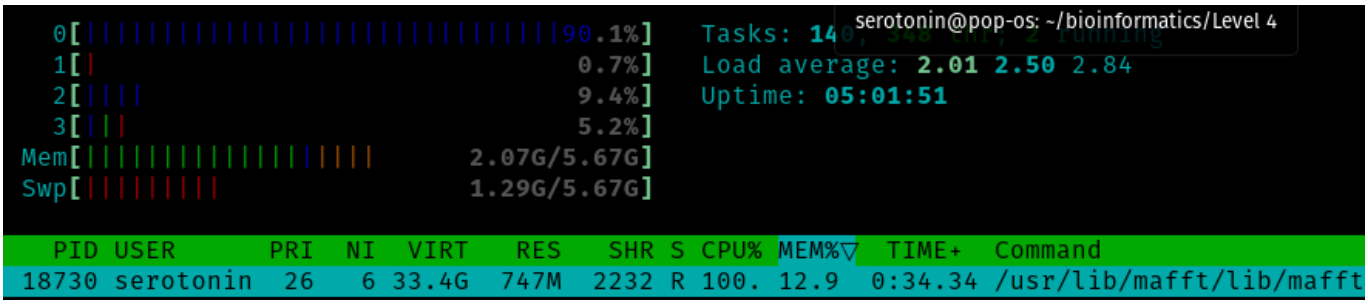
Ура теперь самое интересное

```
mafft --genafpair --maxiterate 3000 ./formed.fasta > maffted.fasta
```

фурычит



мультипроцессинга не хвататет



ему чет не понравилось

```
/usr/bin/mafft: line 2756: 18730 Killed                  "$prefix/tbfast" _ -u $unalignlevel
 $localparam -C $numthreads $seqtype $model -g $lexp -f $lgop -Q $spfactor -h $laof -O $LGOP
 -E $LEXP -N $usenaivepairscore $focusarg _ -+ $iterate -W $minimumweight -V "-"$gopdist -s
$unalignlevel $legacygapopt $mergearg $termgapopt $outnum $addarg $add2ndhalfarg -C $numthre
adstb $rnaopt $weightopt $treeinopt $treeoutopt $distoutopt $seqtype $model -f "-"$gop -Q $s
pfactor -h $aof $param_fft $localparam $algopt $treealg $scoreoutarg $focusarg < infile > /d
ev/null 2>> "$progressfile"
```