Задание LVL 1

Исходный код в файле findorf.py. С помощью него можно найти открытые рамки считывания в точности как сказано в задании.

Алгоритм: нашли старт-кодон >>> нашли ближайший стоп-кодон в той же последовательности >>> транслируем полученную открутую рамку считывания >>> вернулись и продолжили на том же месте (+1 нуклеотид) искать старт >>> <...>

Замечание. ORFFinder не выдает последовательности с вложенными (что противорчеит с требованием в пункте [5.]). Причем он также убирает вложенные именно из конкретной рамки. То есть если будут две вложенные, то он уберет наименьшую если обе в конкретной рамке. Если же есть вложенные но они в разных рамках, то ничего не удалится на ORFFinder. ORFFinder выдает последовательности также с точностью до реверс-комплементарности (Там их больше) ORFFinder показывает последовательности (в лучшем случае) если по крайней мере длины 30[Однако с помощью ORFFinder о котором идет речь, можно указать и менее 30] (Мы же ищем всё всё всё)

Разберём на конкретной последовательности

Возьмём ENSG00000107018

Будем брать оттуда последовательности и сравнивать результаты полученные у нас OUTPUT.txt и в ORFFinder.

Рассмотрим первую последовательность. Вот, что получилось у нас:

Translated gene on ptoteome:

MPRLFLFHLLEFCLLLNQFSRAVAAKWKDDVIKLCGRELVRAQIAICGMSTWSKRSLSQEDAPQTPRPVAEIVPSFINKDTE TIIIMLEFIANLPPELKAALSERQPSLPELQQYVPALKDSNLSFEEFKKLIRNRQSEAADSNPSELKYLGLDTHSQKKRRPY VALFEKCCLIGCTKRSLAKYC

In sequence 1 found res_num 2.ORF found at base 208 to base 225: ATGGAAGGACGATGTTAT

Translated gene on ptoteome: MEGRCY

In sequence 1 found res_num 3.ORF found at base 219 to base 245:

ATGTTATTAAATTATGCGGCCGCGAAT

Translated gene on ptoteome: MLLNYAAAN

In sequence 1 found res_num 4.ORF found at base 232 to base 327:

ATGCGGCCGCGAATTAGTTCGCGCAGATTGCCATTTGCGGCATGAGCACCTGGAGCAAAAGGTCTCTGAGCCAGGAAGATGCTCCTCAGACACC

Translated gene on ptoteome: MRPRISSRADCHLRHEHLEQKVSEPGRCSSDT

In sequence 1 found res_num 5.ORF found at base 275 to base 685:

ATGAGCACCTGGAGCAAAAGGTCTCTGAGCCAGGAAGATGCTCCTCAGACCACTAGACCAGTGGCAGAAATTGTACCATCCT
TCATCAACAAAGATACAGAAACTATAATTATCATGTTGGAATTCATTGCTAATTTGCCACCGGAGCTGAAGGCAGCCCTATC
TGAGAGGCAACCATCATTACCAGAGCTACAGCAGTATGTACCTGCATTAAAGGATTCCAATCTTAGCTTTGAAGAATTTAAG
AAACTTATTCGCAATAGGCAAAGTGAAGCCGCAGACAGCAATCCTTCAGAATTAAAATACTTAGGCTTGGATACTCATTCTC
AAAAAAAAGAGACGACCCTACGTGGCACTGTTTGAGAAATGTTGCCTAATTGGTTGTACCAAAAAGGTCTCTTGCTAAATATTG

Translated gene on ptoteome:

MSTWSKRSLSQEDAPQTPRPVAEIVPSFINKDTETIIIMLEFIANLPPELKAALSERQPSLPELQQYVPALKDSNLSFEEFK KLIRNRQSEAADSNPSELKYLGLDTHSQKKRRPYVALFEKCCLIGCTKRSLAKYC

In sequence 1 found res_num 6.0RF found at base 312 to base 380:

ATGCTCCTCAGACACCTAGACCAGTGGCAGAAATTGTACCATCCTTCATCAACAAAGATACAGAAACTA

Translated gene on ptoteome: MLLRHLDQWQKLYHPSSTKIQKL

In sequence 1 found res_num 7.ORF found at base 389 to base 685:

Translated gene on ptoteome:

MLEFIANLPPELKAALSERQPSLPELQQYVPALKDSNLSFEEFKKLIRNRQSEAADSNPSELKYLGLDTHSQKKRRPYVALF EKCCLIGCTKRSLAKYC

In sequence 1 found res_num 8.ORF found at base 474 to base 485: ATGTACCTGCAT Translated gene on ptoteome: MYLH

In sequence 1 found res_num 9.0RF found at base 640 to base 675:

ATGTTGCCTAATTGGTTGTACCAAAAGGTCTCTTGC

Translated gene on ptoteome: MLPNWLYQKVSC

In sequence 1 found res_num 10.0RF found at base 690 to base 728:

ATGAAGCTAATTGTGCACATCTTGTCTAATTTTCACACA

Translated gene on ptoteome: MKLIVHILSNFHT

In sequence 1 found res_num 11.ORF found at base 737 to base 748: ATGACATTTCAC

Translated gene on ptoteome: MTFH

In sequence 1 found res num 12.0RF found at base 751 to base 777:

ATGCTTCTGTCAGGTCCCACTAATTAT

Translated gene on ptoteome: MLLSGPTNY

In sequence 1 found res num 13.0RF found at base 801 to base 863:

ATGTTTAGATTTTCATTTGGTGTGTAAGAAAATATTCTTTGTATGATTGTAGTTTCTGTAAA

Translated gene on ptoteome: MFRFFIWCVRKYSLYDCSFCK

In sequence 1 found res num 14.0RF found at base 844 to base 900:

ATGATTGTAGTTTCTGTAAATGACACTTTCTATGCTGAAGTCTTTTTTGTCTTTTTAT

Translated gene on ptoteome: MIVVSVNDTFYAEVFLSFY

In sequence 1 found res num 15.0RF found at base 863 to base 952:

ATGACACTTTCTATGCTGAAGTCTTTTTGTCTTTTTATTAACAGTATAATTGTGTTGATTCTTTTTAATGCTGTTAACTTAA
AATTACAA

Translated gene on ptoteome: MTLSMLKSFCLFINSIIVLILFNAVNLKLQ

In sequence 1 found res num 16.0RF found at base 875 to base 952:

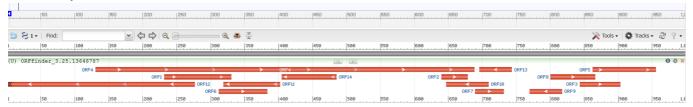
ATGCTGAAGTCTTTTTGTCTTTTTATTAACAGTATAATTGTGTTTGATTCTTTTTAATGCTGTTAACTTAAAATTACAA

Translated gene on ptoteome: MLKSFCLFINSIIVLILFNAVNLKLQ

In sequence 1 found res_num 17.0RF found at base 930 to base 941: ATGCTGTTAACT

Translated gene on ptoteome: MLLT

А что получилось в ORFFinder



Ну или если быть чуть точнее:

-	-				
Label	Strand •	Frame	Start	Stop	Length (nt aa)
ORF4	+	2	131	688	558 185
ORF1	+	1	232	330	99 32
ORF5	+	2	863	955	93 30
ORF6	+	3	312	383	72 23
ORF8	+	3	801	866	66 21
ORF3	+	1	844	903	60 19
ORF7	+	3	690	731	42 13
ORF2	+	1	640	678	39 12
ORF12	-	2	276	>1	276 91
ORF11	-	2	402	319	84 27

Есть ещё парочка, но они все с "-" в **"Strand"**, а мы всё же не рассматриваем реверс-комплементарные истории.

Действительно, можно заметить что ORF4 фигурирует в наших записях:

In sequence 1 found res_num 1.ORF found at base 131 to base 685:

Translated gene on ptoteome:

MPRLFLFHLLEFCLLLNQFSRAVAAKWKDDVIKLCGRELVRAQIAICGMSTWSKRSLSQEDAPQTPRPVAEIVPSFINKDTE TIIIMLEFIANLPPELKAALSERQPSLPELQQYVPALKDSNLSFEEFKKLIRNRQSEAADSNPSELKYLGLDTHSQKKRRPY VALFEKCCLIGCTKRSLAKYC

Или же такую запись можно даже найти обратившись в ORFFinder на bioinformatics.org

>ORF number 1 in reading frame 2 on the direct strand extends from base 131 to base 688.

>Translation of ORF number 1 in reading frame 2 on the direct strand.
MPRLFLFHLLEFCLLLNQFSRAVAAKWKDDVIKLCGRELVRAQIAICGMSTWSKRSLSQE
DAPQTPRPVAEIVPSFINKDTETIIIMLEFIANLPPELKAALSERQPSLPELQQYVPALK
DSNLSFEEFKKLIRNRQSEAADSNPSELKYLGLDTHSQKKRRPYVALFEKCCLIGCTKRS
LAKYC*

Также и все остальные *ORF 1 2 3 4 5 6 7 8* можем без труда найти в наших записях **Замечание.** У нас в ORF не учитывался стоп-кодон, а вот в данном инструменте его длина учитывается. Этим объясняется разница номеров нуклеотидов конца на 3.

Но почему нет некоторых других..?

Например такого:

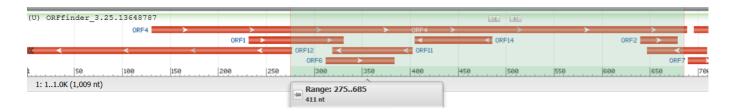
In sequence 1 found res_num 5.ORF found at base 275 to base 685:

ATGAGCACCTGGAGCAAAAGGTCTCTGAGCCAGGAAGATGCTCCTCAGACACCTAGACCAGTGGCAGAAATTGTACCATCCT
TCATCAACAAAGATACAGAAACTATAATTATCATGTTGGAATTCATTGCTAATTTGCCACCGGAGCTGAAGGCAGCCCTATC
TGAGAGGCAACCATCATTACCAGAGCTACAGCAGTATGTACCTGCATTAAAGGATTCCAATCTTAGCTTTGAAGAATTTAAG
AAACTTATTCGCAATAGGCAAAGTGAAGCCGCAGACAGCAATCCTTCAGAATTAAAATACTTAGGCTTGGATACTCATTCTC
AAAAAAAAGAGACCACCCTACGTGGCACTGTTTGAGAAATGTTGCCTAATTGGTTGTACCAAAAGGTCTCTTGCTAAATATTG
C

Translated gene on ptoteome:

MSTWSKRSLSQEDAPQTPRPVAEIVPSFINKDTETIIIMLEFIANLPPELKAALSERQPSLPELQQYVPALKDSNLSFEEFK KLIRNRQSEAADSNPSELKYLGLDTHSQKKRRPYVALFEKCCLIGCTKRSLAKYC

Он вложен в *ORF 4* (так как его начало сравнимо по модулю 3 с началом ORF 4 \$ \Longrightarrow \$ значит в одной рамке *Frame*). Да и к тому же начинается он позже, и притом он намного короче:



Tretyakov Ivan tg: @pheoctist