

Отчет.

Часть 1

1) Для анализа были выбраны следующие протеины человека:

HELZ_HUMAN	CCS_HUMAN	JAK1_HUMAN	IRS4_HUMAN
UBC_HUMAN	NFIB_HUMAN	CHD6_HUMAN	DDB1_HUMAN
ZBP1_HUMAN	ACTB_HUMAN		

Далее при помощи продвинутого поиска в uniprot ищем ортологи для этих протеинов (протеины специально выбирались так, чтобы у каждого были ортологи).

H2QDQ4_PANTR	H2Q473_PANTR	H2PZ66_PANTR
A0A2I3SS11_PANTR	UBC_PANTR	H2RCU0_PANTR
A0A2I3SY12_PANTR	H2QKN2_PANTR	ACTB_PANTR

Далее выравниваем при помощи мегги попарно все эти протеины с их ортологами.

```
1. spjP42694|HELZ_HUMAN Probable helicase with zinc finger domain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HELZ PE=1 SV=2 M D R R A K K S C E A C E L K R D D Y E M A L K H C T E A L L S I G Y I M A D F T G P C P L E I T R I K I E L L Y R I A F L D L K N Y V D A E D C R H V L G E G L A I
2. tr|H2QDQ4|H2QDQ4_PANTR Helicase with zinc finger OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=HELZ PE=2 SV=1 M D R R A K K S C E A C E L K R D D Y E M A L K H C T E A L L S I G Y I M A D F T G P C P L E I T R I K I E L L Y R I A F L D L K N Y V D A E D C R H V L G E G L A I

1. spjO14418|CCS_HUMAN Copper chaperone for superoxide dismutase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CCS PE=1 SV=1 M A D G D G D T L C L E F A V G N H C D C V A V K K L U G V A V L S E V H L E D Q M V L V H L P F Q V V A L L G G R A V L K C H R D L G N L E A K
2. tr|H2Q473|H2Q473_PANTR Superoxide dismutase copper chaperone OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=CCS PE=2 SV=2 M A D G D G D T L C L E F A V G N H C D C V A V K K L U G V A V L S E V H L E D Q M V L V H L P F Q V V A L L G G R A V L K C H R D L G N L E A K

1. spjP23458|JAK1_HUMAN Tyrosine-protein kinase JAK1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=JAK1 PE=1 SV=2 M Q Y L N I K E D C N A M A F C A K M R S S K K T E V N L E A P E F G V E V I F Y L S D R E P L R L G S G E T A E E L C I R A A A C R I S P L C H N L F A L Y D E N T K L W Y A P R T I I
2. tr|H2PZ66|H2PZ66_PANTR Tyrosine-protein kinase OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=JAK1 PE=2 SV=1 M Q Y L N I K E D C N A M A F C A K M R S S K K T E V N L E A P E F G V E V I F Y L S D R E P L R L G S G E T A E E L C I R A A A C R I S P L C H N L F A L Y D E N T K L W Y A P R T I I

1. spjO14454|IRS4_HUMAN Insulin receptor substrate 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IRS4 PE=1 SV=1 M A S C S F R D Q A T R R L R G A A A A A A A A A A V V T P L L S S G P T A L I G T G S S C P G A M M L S A T G S R S D S E S E E D L P V G E E V C K R G Y L R K K H G
2. tr|A0A2I3SS11|A0A2I3SS11_PANTR Insulin receptor substrate 4 OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=IRS4 PE=4 SV=1 M A S C S F R D Q A T R R L R G A A A A A A A A A A V V T P L L S S G P T A L I G T G S S C P G A M M L S A T G S R S D S E S E E D L P V G E E V C K R G Y L R K K H G

1. spjP0CC48|UBC_HUMAN Polyubiquitin-C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UBC PE=1 SV=3 M I F V K K L T G K I I L E V E P S D T I E V K A K I D D K E G I P P D Q R L I F A G K L E D G R L L E D Y N I K E S T L H L V L R L R G G M I F V K I L G K T I I L E V E P S D T I E N
2. spjP0CC64|UBC_PANTR Polyubiquitin-C OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=UBC PE=1 SV=1 M I F V K K L T G K I I L E V E P S D T I E V K A K I D D K E G I P P D Q R L I F A G K L E D G R L L E D Y N I K E S T L H L V L R L R G G M I F V K I L G K T I I L E V E P S D T I E N

1. spjO00712|NFIB_HUMAN Nuclear factor 1 B-type OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NFIB PE=1 SV=2 M M Y S P I C L T D D F H P F I E A L L P H V R A I A Y T W F L A R K R K Y F K K H K R M K D E E R A V K D E L L E K P E I K K M A R L L A K R K D I R D E Y R E D F V L V T C
2. tr|H2RCU0|H2RCU0_PANTR Nuclear factor 1 OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=NFIB PE=3 SV=2 M M Y S P I C L T D D F H P F I E A L L P H V R A I A Y T W F L A R K R K Y F K K H K R M K D E E R A V K D E L L E K P E I K K M A R L L A K R K D I R D E Y R E D F V L V T C

1. spjQ8T26|CHD6_HUMAN Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHD6 PE=1 SV=4 M K K I Q K K E K L S N L V L N H S P H S D A S V H F Y K S P S P F D C S T D D E E K I E D V A H C L P K D L Y A E E E A A T L F P R K M T H N G M E D S G
2. tr|H2QKD4|H2QKD4_PANTR DNA helicase OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=CHD6 PE=2 SV=1 M K K I Q K K E K L S N L V L N H S P H S D A S V H F Y K S P S P F D C S T D D E E K I E D V A H C L P K D L Y A E E E A A T L F P R K M T H N G M E D S G

1. spjO16531|DDB1_HUMAN DNA damage-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDB1 PE=1 SV=1 D M N R L K V I K Y S V G K I E H F P W R F H T E R K K E P A T G F I D D L I E F L D I R P K M E V V A N L Y D D G G M K R E A A D D L I K V V E I L T R I H
2. tr|A0A2I3SY12|A0A2I3SY12_PANTR DNA damage-binding protein 1 OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=DDB1 PE=3 SV=1 D M N R L K V I K Y S V G K I E H F P W R F H T E R K K E P A T G F I D D L I E F L D I R P K M E V V A N L Y D D G G M K R E A A D D L I K V V E I L T R I H

1. spjQ9H17|ZBP1_HUMAN Z-DNA-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZBP1 PE=1 SV=2 N S N K M I P C V A P G G V A S G E G E P G E D A R R P A D T Q R H F F R I G P I T P H K K L P K L E T M T L G N R H K A A G H Y V D E A S H E G S W W G G G I
2. tr|H2QKN2|H2QKN2_PANTR Z-DNA binding protein 1 OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=ZBP1 PE=4 SV=2 N S N K M I P C V A P G G V A S G E G E P G E D A R R P A D T Q R H F F R I G P I T P H K K L P K L E T M T L G N R H K A A G H Y V D E A S H E G S W W G G G I

1. spjP60709|ACTB_HUMAN Actin cytoplasmic 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTB PE=1 SV=1 F S I N K C V D I R K D L Y A T V L G G T M Y P G I A D R M K E I T A L A P S T M E I K I I A P P E R K Y V M I G G I L A L S L T F D M M I K E Y D E S G P I V H R K C F
2. spjO5R1X3|ACTB_PANTR Actin cytoplasmic 1 OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=ACTB PE=2 SV=1 F S I N K C V D I R K D L Y A T V L G G T M Y P G I A D R M K E I T A L A P S T M E I K I I A P P E R K Y V M I G G I L A L S L T F D M M I K E Y D E S G P I V H R K C F
```

И при помощи BLAST ищем среднее identity и similarity:

NAME	IDENTITIES	SIMILARITIES
H2QDQ4_PANTR	99%	99%
H2Q473_PANTR	99%	98%
H2PZ66_PANTR	99%	99%
A0A2I3SS11_PANTR	97%	98%
UBC_PANTR	100%	100%
H2RCU0_PANTR	93%	92%
H2QKD4_PANTR	98%	98%
A0A2I3SY12_PANTR	98%	98%
H2QKN2_PANTR	99%	98%
ACTB_PANTR	99%	99%

Часть 2

0) Просто считаем по формуле. После 10 циклов ПЦР:

$$(2 * 2^{10}) / (2 * 2^{10} + 3 * 2^{10}) = 0.4, \text{ т.е. } 40\%$$

После 40 циклов ПЦР:

$$(2 * 2^{40}) / (2 * 2^{40} + 3 * 2^{40}) = 0.4, \text{ т.е. те же самые } 40\%$$

1)