Недобежкин Павел Владимирович

ПММ, 61 группа, 4 курс

Отчет по лабораторной работе №2

Вариант 14

В базе данных GenBank найти нуклеотидные последовательности в соответствии с вариантом. Привести каждую последовательность и определить число пар оснований каждой последовательности.

Oncorhynchus mykiss thrombin mRNA

Cynops pyrrhogaster thrombin mRNA

1.1

Искомая мРНК микижи содержит 799 пар оснований

```
1 caggagetge tgtgtgggge cagtetaate agtgatgagt ggatecteae tgcageccae 61 tgcatectet atecaceatg gaacaaaaae tteaceatta atgacateet ggteegett 121 ggeaaacata acagagetaa gtttgagaag ggeacagaga agattgtgge tattgatgag 181 ataattgtee aceeecaagta caactggaag gagaacetga acegggacat tgetetgetg 241 cacatgagga ggeeeattae ttteacagat gagatteate etgetgtet aceaaceaag 301 caggttgeta agacactgat gtttgetgge tataaaaggee gtgtgacagg etgggggaae 361 etatatgaga catggagte etceeecaag teeteacea eagteeteea geagateeat 421 etaceeatg ttgaacagga tatetgeaga gaetetaeet etateegeat eagtggggaae 481 atgteetgg etggeeteaa aceagaggaa eagaaaactg gtgacgettg tgaaggggae 541 ageggtgge eetttgeat gaagageeea gatgacaace gttggtacea gateggeat 601 gtgteetggg gagaaggatg tgacagggat gggaaaatatg gattetaeae eeatettee 661 egtatgagae ggtggatgaa gaaagttatt gacaaaacag geggegatga egatgactga 721 ttgttattee teeteattt teeteatg
```

Искомая мРНК тритона содержит 813 пар оснований

```
/ Bene- em omozn
ORIGIN
        1 caggagetea tatgtggage aageateate agtgaeeget gggtteteae tgeagegeae
       61 tgcattttct acccacctg ggacaaaaac tacaccacag aagacatcct ggtgcgaatt
      121 ggaaaacact acaggaccaa gtacgagaga caacaggaga agattcgaat gctggagcgg
      181 atcatcattc accccaagta caactggagg gagaacctgg acagggacat cgccctgatc
      241 cagctgaagc gacccattgg cttcaccaac tacatccatc ccgtctgcct gcccaccaag
      301 gagatcgtcc agacgttgat gctgaacaga cacaaagggc gtgtgtccgg ctgggggaac
      361 ctgcatgaga cctggacctc ggggggccag gcccttcccc aggtcctgca gcaggtcaat
      421 ctgccaatcg tggaccaaga aacctgcaaa gcctcaacca aaatcaaagt cactagcaac
      481 atgttctgtg caggttataa accagatgag ccaaacagag gggacgcctg cgagggggac
      541 agtggtggtc cattcgtcat gaagagtcca gatgacaacc gctggtacca ggtcggcatc
      601 gtctcctggg gcgagggttg tgatcgggat ggcaagtatg gattctatac gcacctgcac
      661 cggatgcgcc agtggatgat gaagatcatc gagaagtgtg ggagctagga gtggatgcag
     721 ccagccttca tgcatccaca gaaagaagca aaacatatcc tagaaatgtc tgaaaaatac
     781 aagccaataa aagcctcatt cttcgggaac agc
,,
```

1.2

Это матричные PHK описывают фермент тромбин. Он отвечает за свертываемость крови. Принадлежат мижике (Oncorhynchus mykiss) и огненнобрюхому тритону (Cynops pyrrhogaster) соответственно.

Код:

```
from Bio import SeqIO
import matplotlib.pyplot as plt

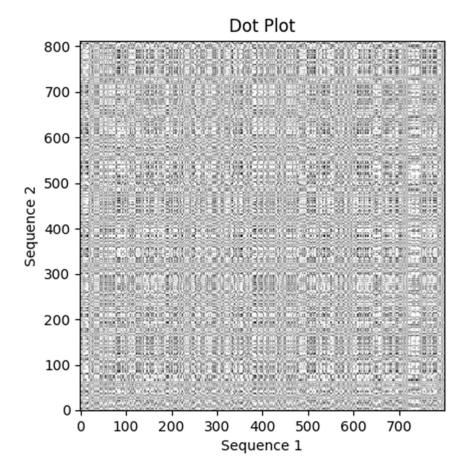
seq1 = str(SeqIO.read("file1.fasta", "fasta").seq)
seq2 = str(SeqIO.read("file2.fasta", "fasta").seq)

matrix = [[1 if seq1[i] == seq2[j] else 0 for i in range(len(seq1))] for j in range(len(seq2))]

plt.imshow(matrix, cmap='binary', origin='lower')
plt.xlabel('Sequence 1')
plt.ylabel('Sequence 2')
plt.title('Dot Plot')
plt.show()

matches = sum(1 for i in range(min(len(seq1), len(seq2))) if seq1[i] == seq2[i])
print(f"Процент схожести: {matches/min(len(seq1), len(seq2))*100:.2f}%")
```

Матрица:



Также код выводит процент схожести, в данном случае 66.33%, что дает сделать вывод о схожести последовательности

Процент схожести: 66.33%

Задание 2

- 1. 702 пары оснований
- 2. Bombina bombina Краснобрюхая жерлянка Ген ncx-1
- 3. Эукариот; Метазоа; Хордовые; Черепные; Позвоночные; Эвтелеостомы; Амфибия; Батрахия; Анура; **Жерлянки**; **Краснобрюхая жерлянка**.
- 4. Fijarczyk, A., Nadachowska, K., Hofman, S., Litvinchuk, S.N., Babik, W., Stuglik, M., Gollmann, G., Choleva, L., Cogalniceanu, D., Vukov, T., Dzukic, G. and Szymura, J.M.
- 5. 28-APR-2011

