Отчет по ДЗ №3

Дисциплина: Биоинформатика

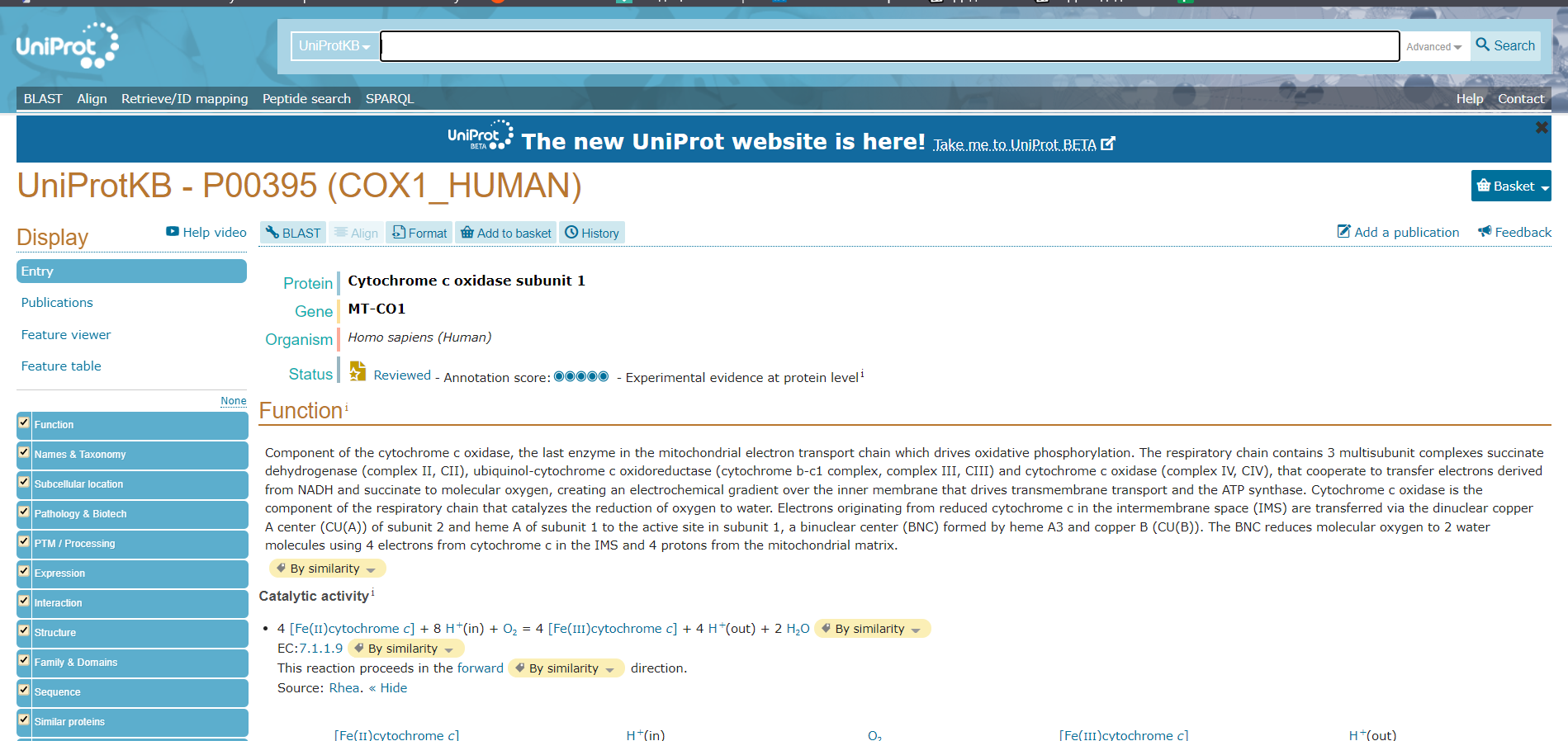
Исполнительница: Смолкина Ю.А

Группа: АДБМ2021

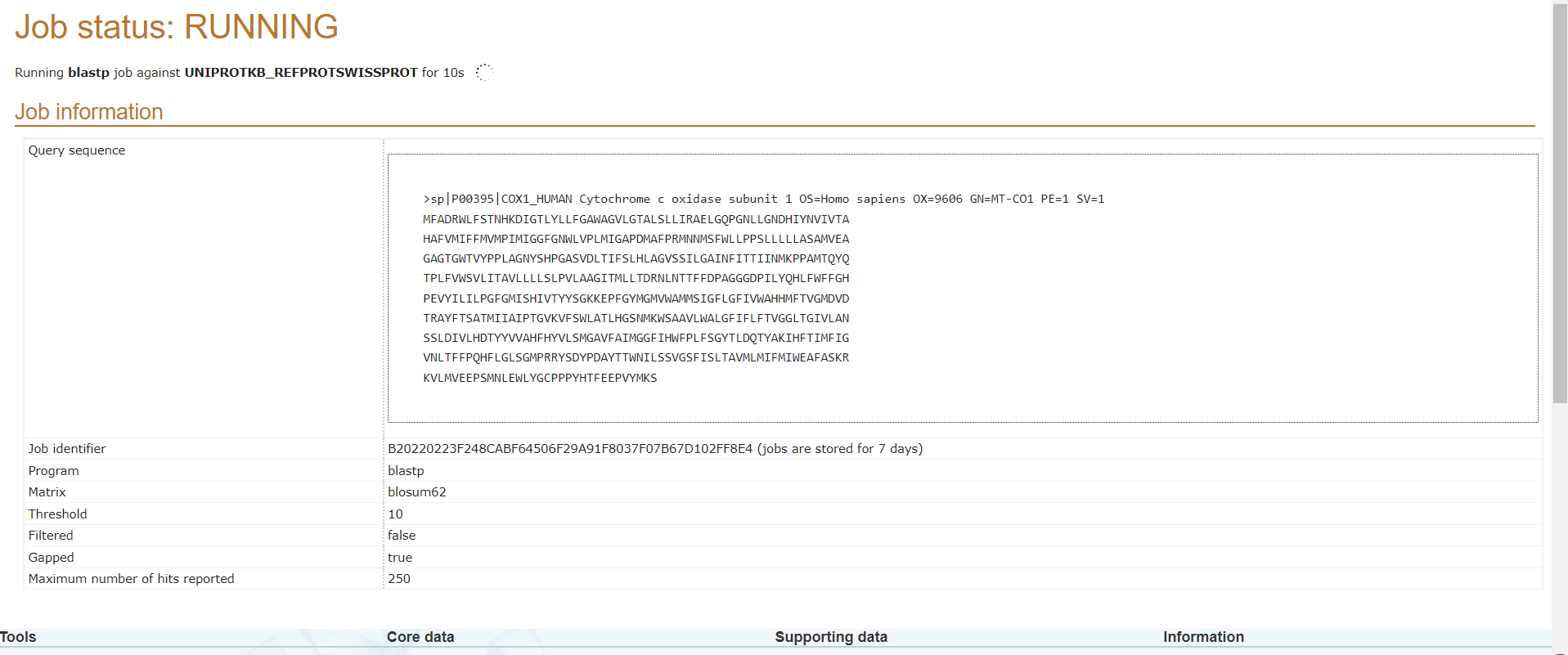
\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

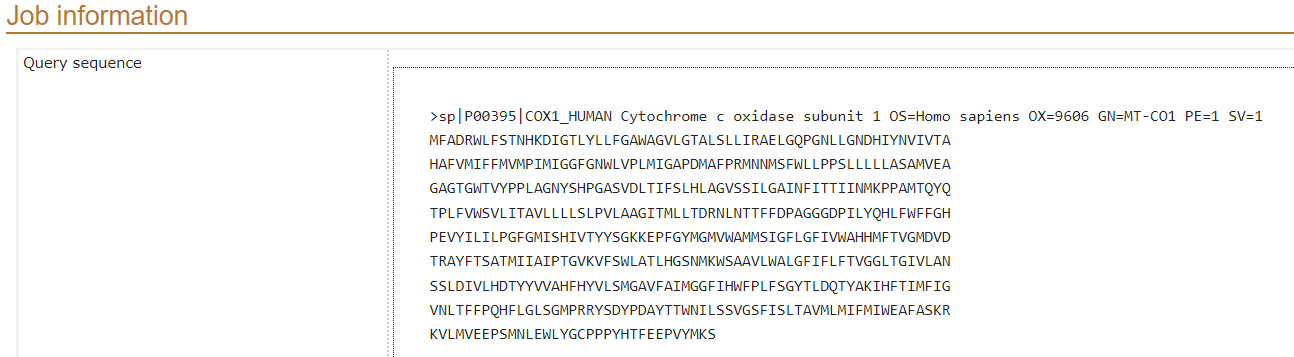
Исходные данные:

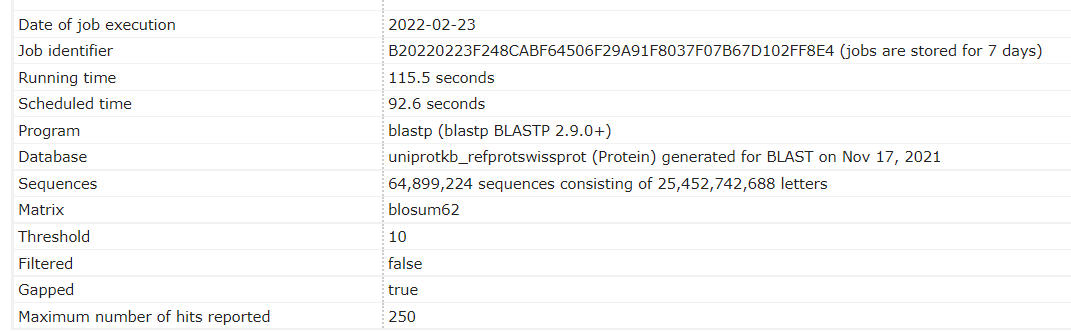
Белок: P00395



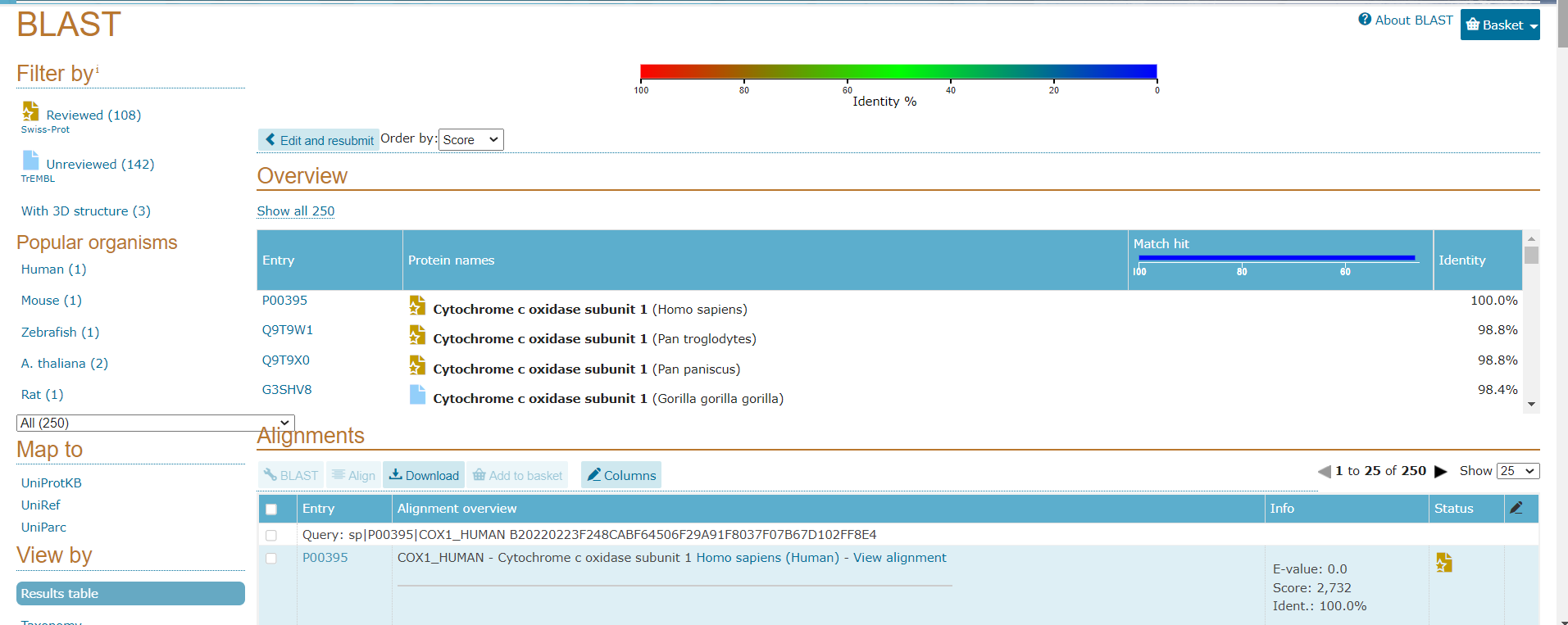
Запускаю Бласт







Результаты:



То есть нашлось 250 совпадений

Лучшии находки : 1ая - [P00395](https://www.uniprot.org/uniprot/P00395) с Identity = 100%

2ая находка [Q9T9W1](https://www.uniprot.org/uniprot/Q9T9W1) с Identity = 98.8%

**Для 1ого**: (нашел сам себя, никто такое не запрещал)

Данные из Swiss-Prot

Protein

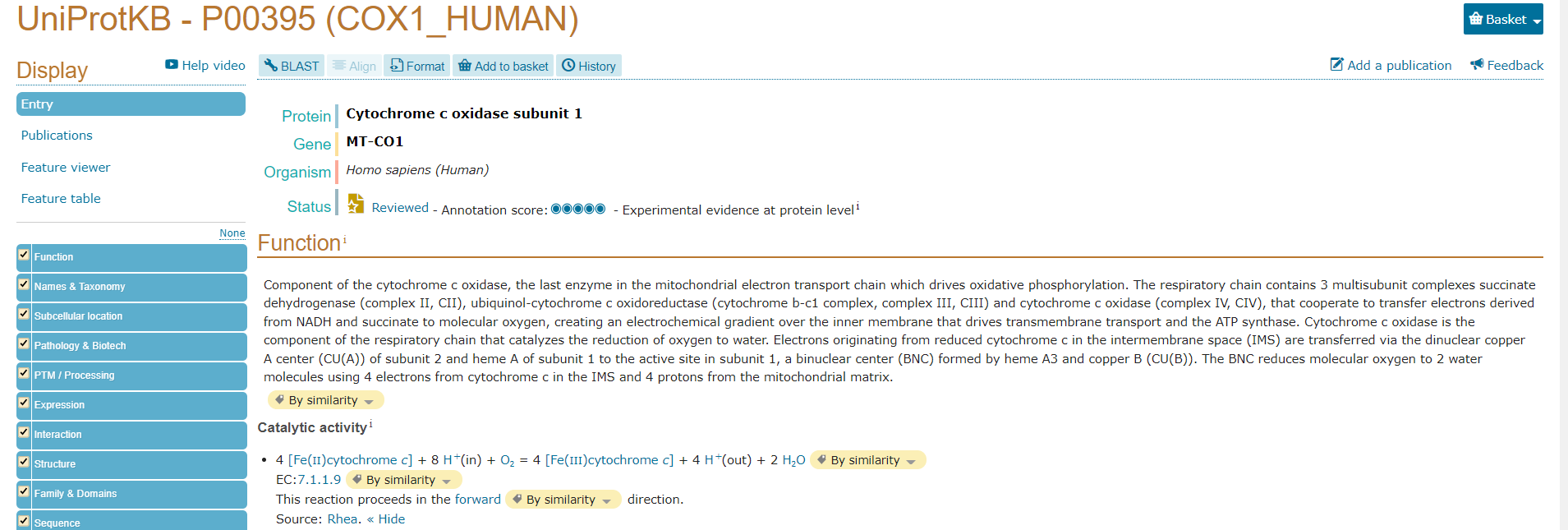
Cytochrome c oxidase subunit 1

Gene

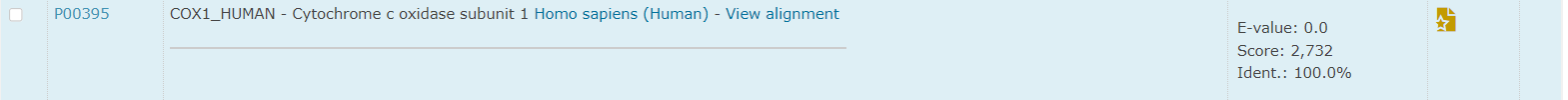
MT-CO1

Organism

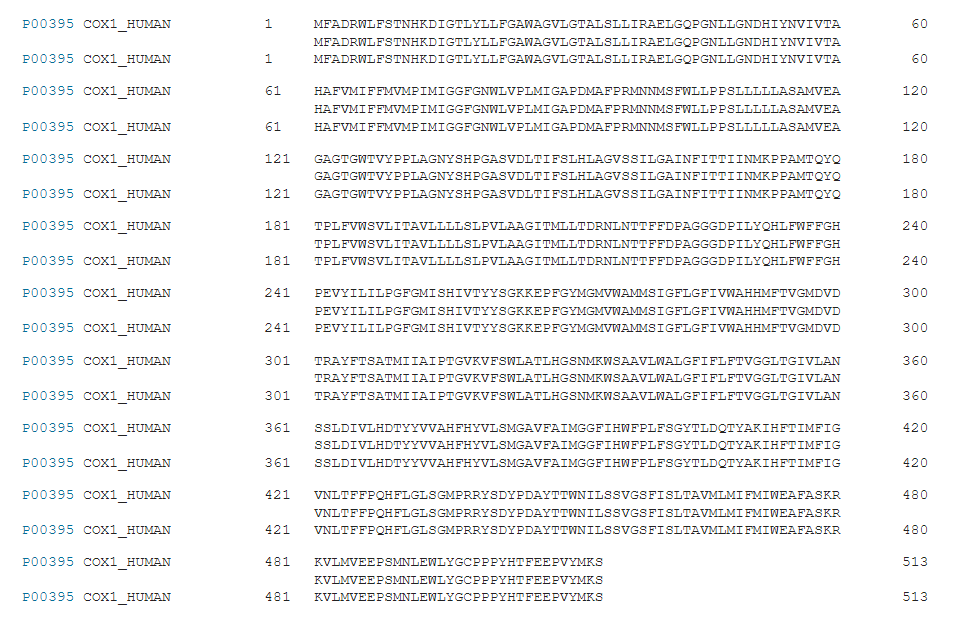
Homo sapiens (Human)



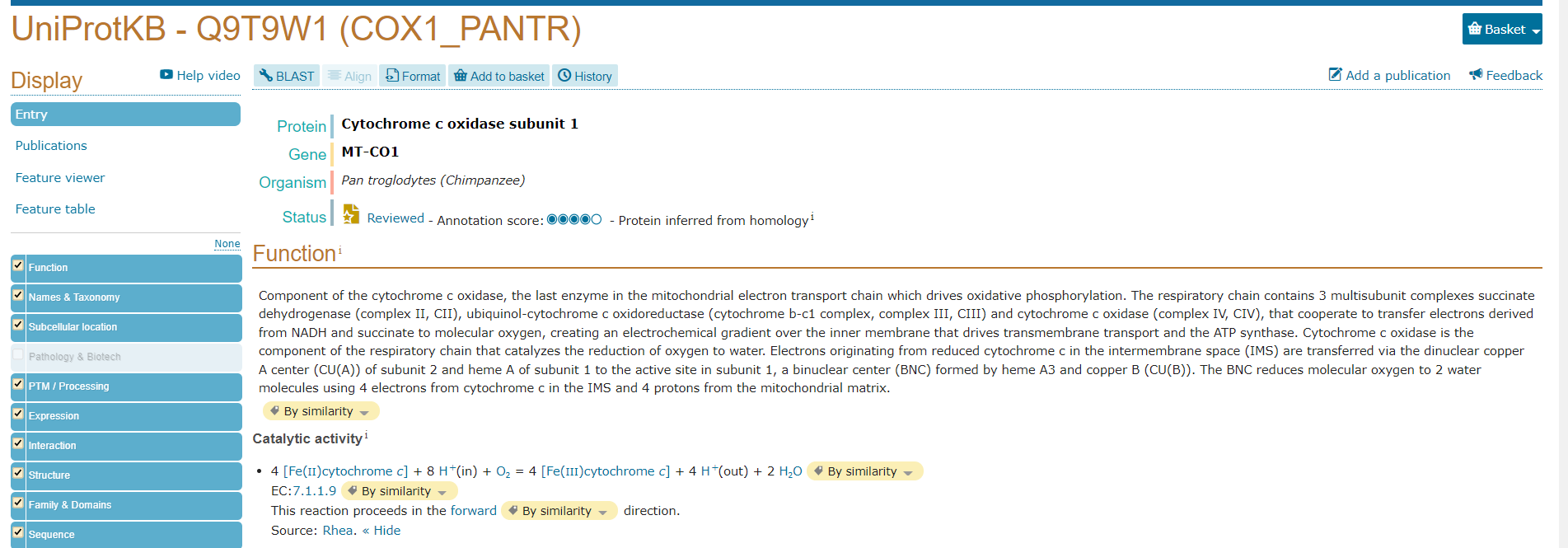
* E-value: 0.0
* Score: 2732
* Ident.: 100.0%
* Positives : 100.0%
* Query Length: 513
* Match Length: 513



Покрытие:



**Для 2ого**:



Protein

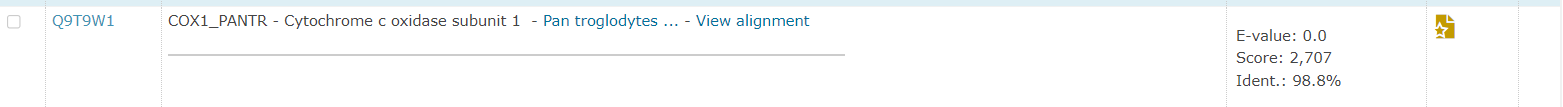
Cytochrome c oxidase subunit 1

Gene

MT-CO1

Organism

Pan troglodytes (Chimpanzee)



* E-value: 0.0
* Score: 2707
* Ident.: 98.8%
* Positives : 99.2%
* Query Length: 513
* Match Length: 513

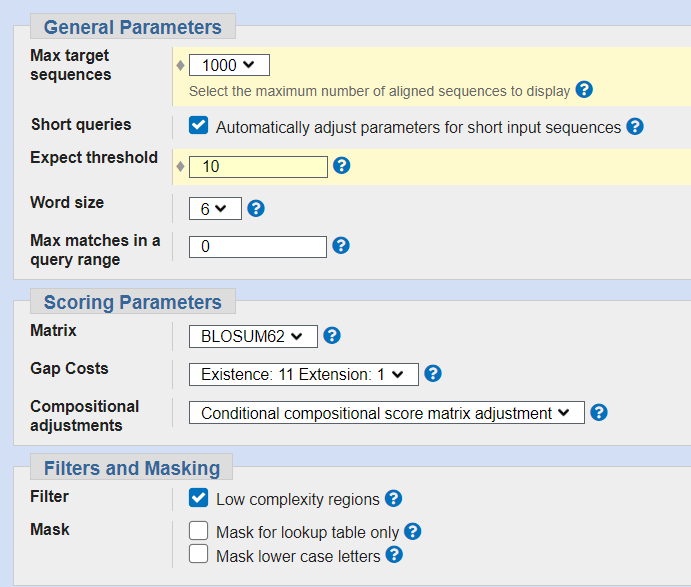
Покрытие:



\*По цифрам справа можно посчитать несовпадения-гепы

Все находки имеют Е-значение = 0.0, сотых не видно. Я думаю, что в данном случае лимит стоит на максимальным числом находок, но 250 является максимально допустимым (там где я запускала- а точнее не изменяемым). \*Запускала я из <https://www.uniprot.org/blast/uniprot/B20220223F248CABF64506F29A91F8037F07B67D102FF8E4> (UNIPROT)

Поменяем параметры в Blastp:

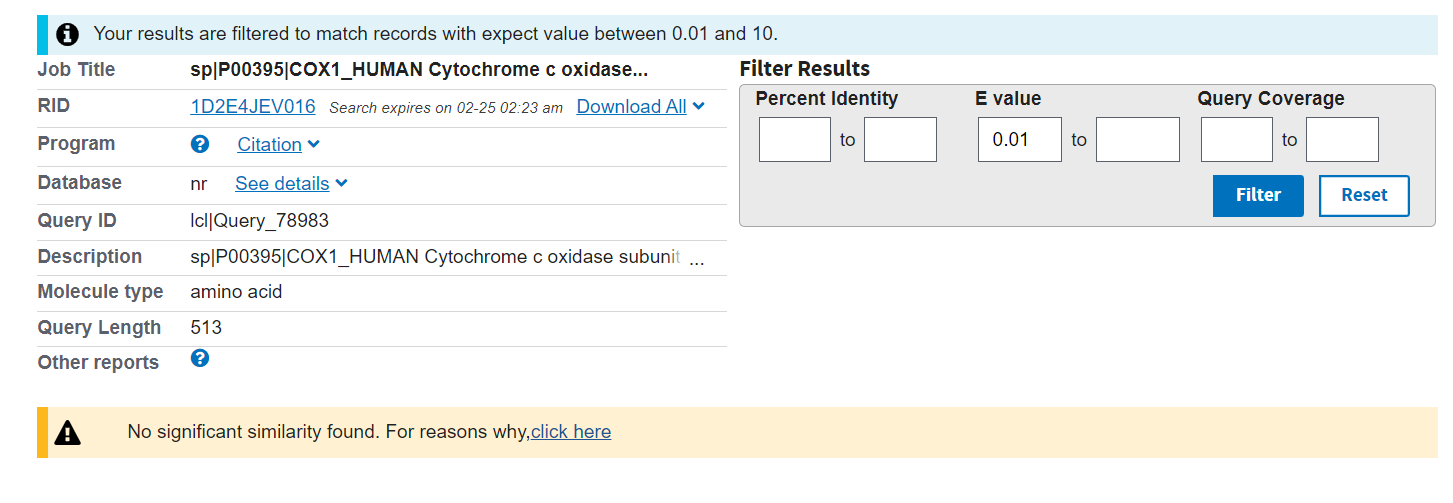


Я оставила таким же threshold, и увеличила кол-во таргетных последовательностей( чтобы проверить предположение выше)

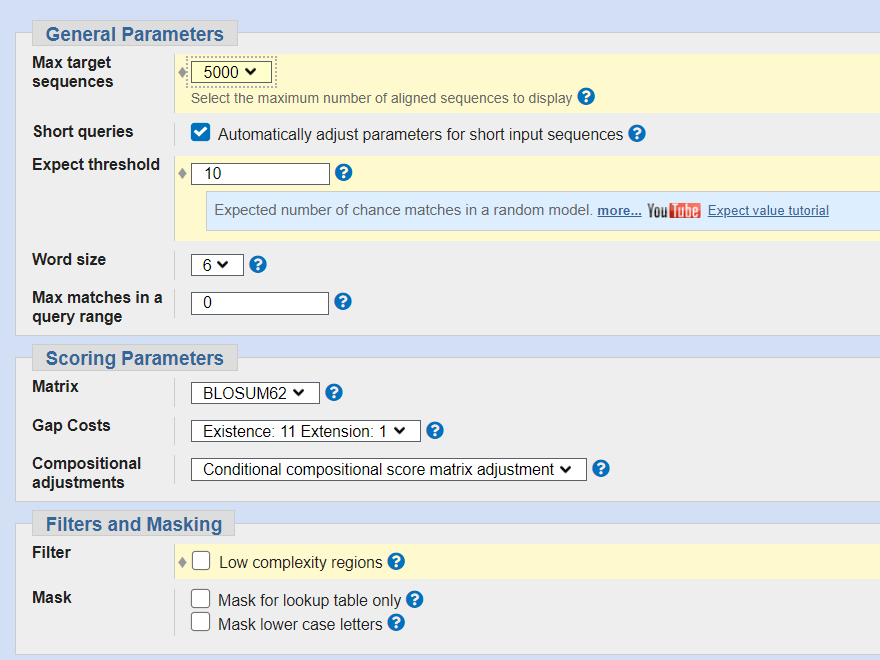
[**https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi**](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)

Действительно, нашлось еще больше последовательностей, но все тоже с Е-значением = 0.0

ФИльтр по Е-значению выдал пустой результат

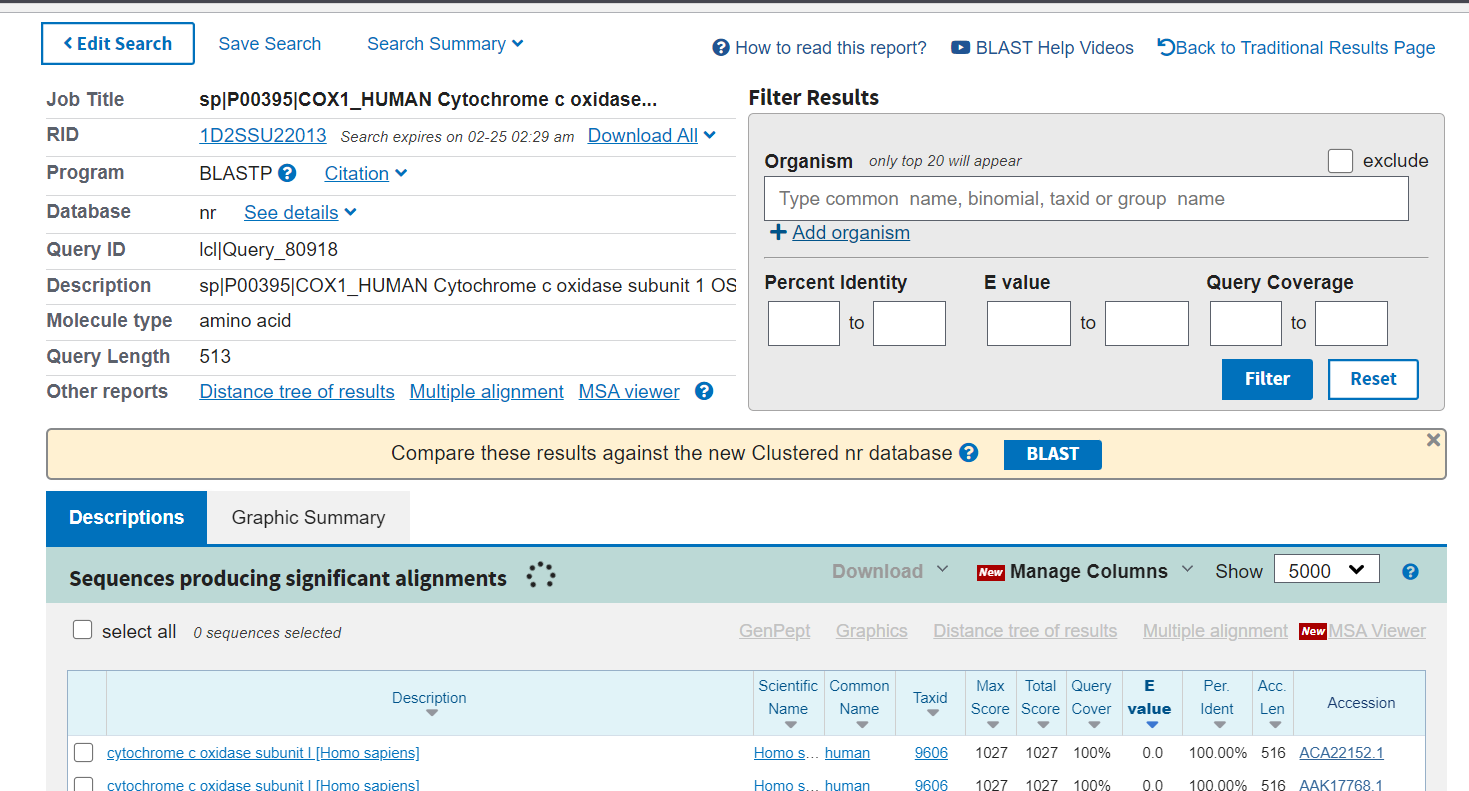


Поменяю параметры еще раз**:**

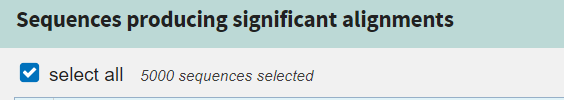
****

Таким образом я попытаюсь получить меньше результатов, но возможно с увеличенным Е-значением

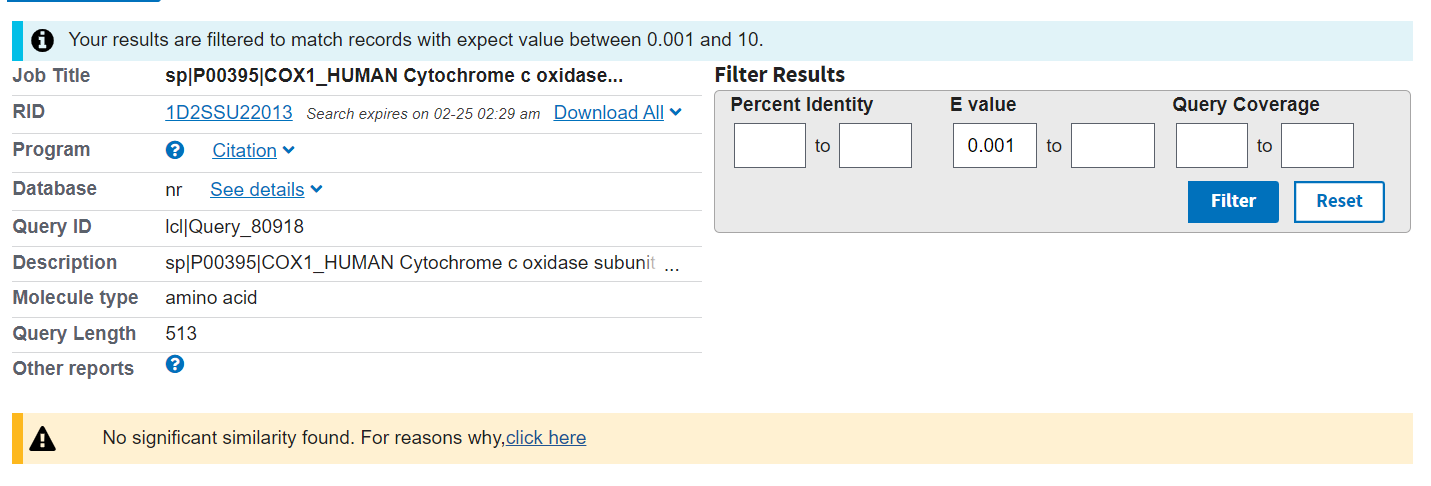
Мой компьютер завис:

****

Теория не сработало, нашлось таки 5000 мэтчей

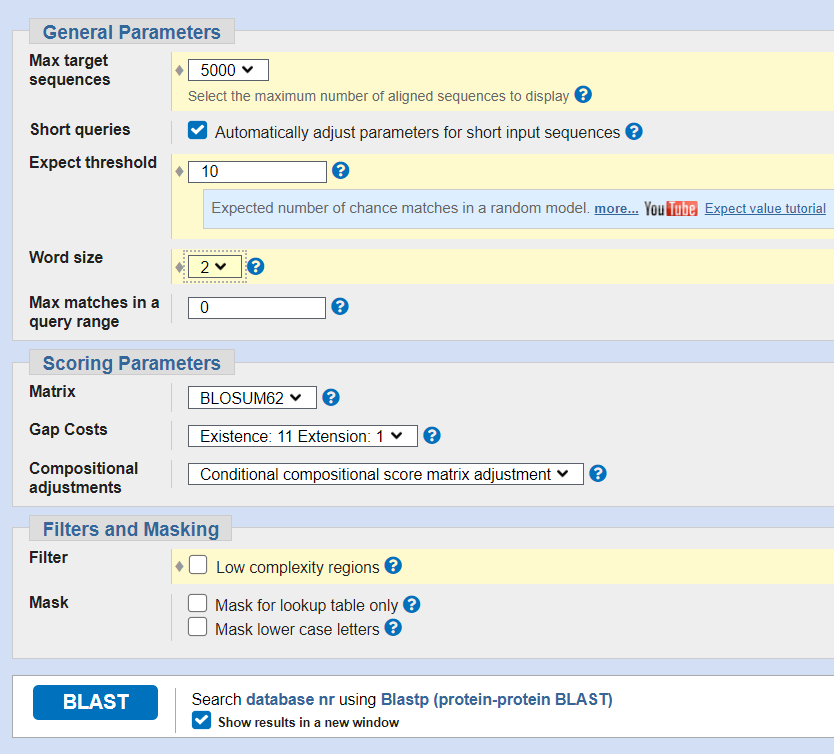


Фильтрация по Е-значению снова не принесла желаемого результата

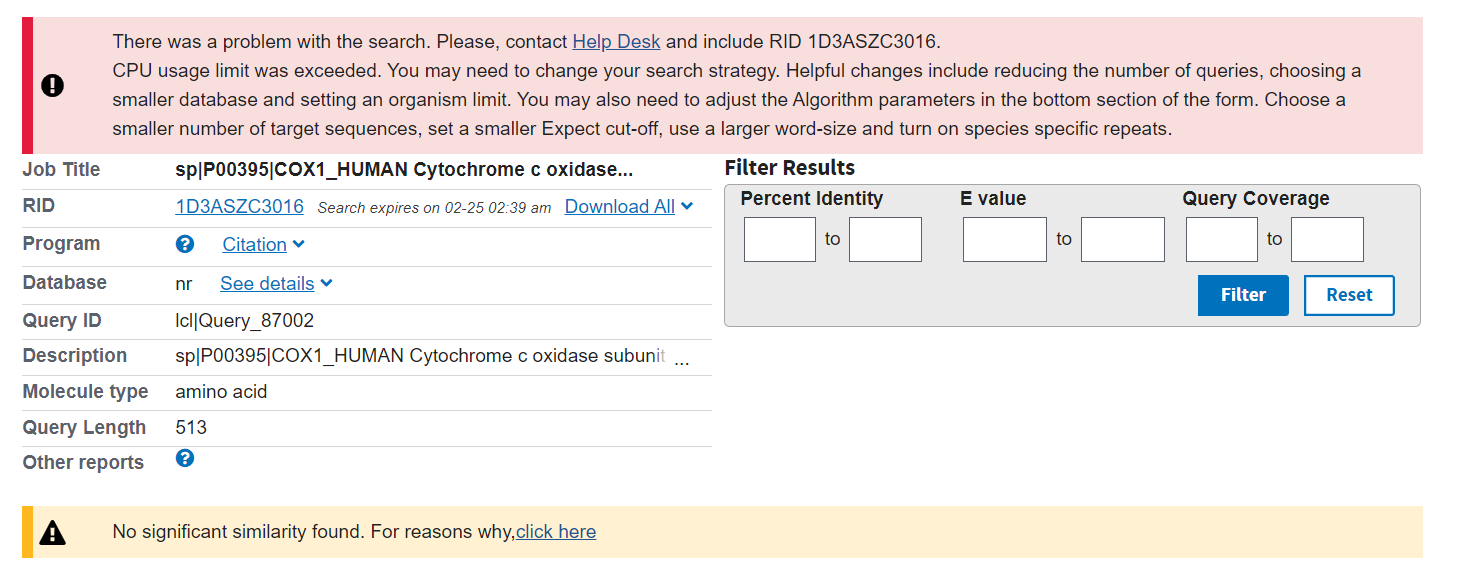


то есть все метчи имеют Е-значение = 0.0

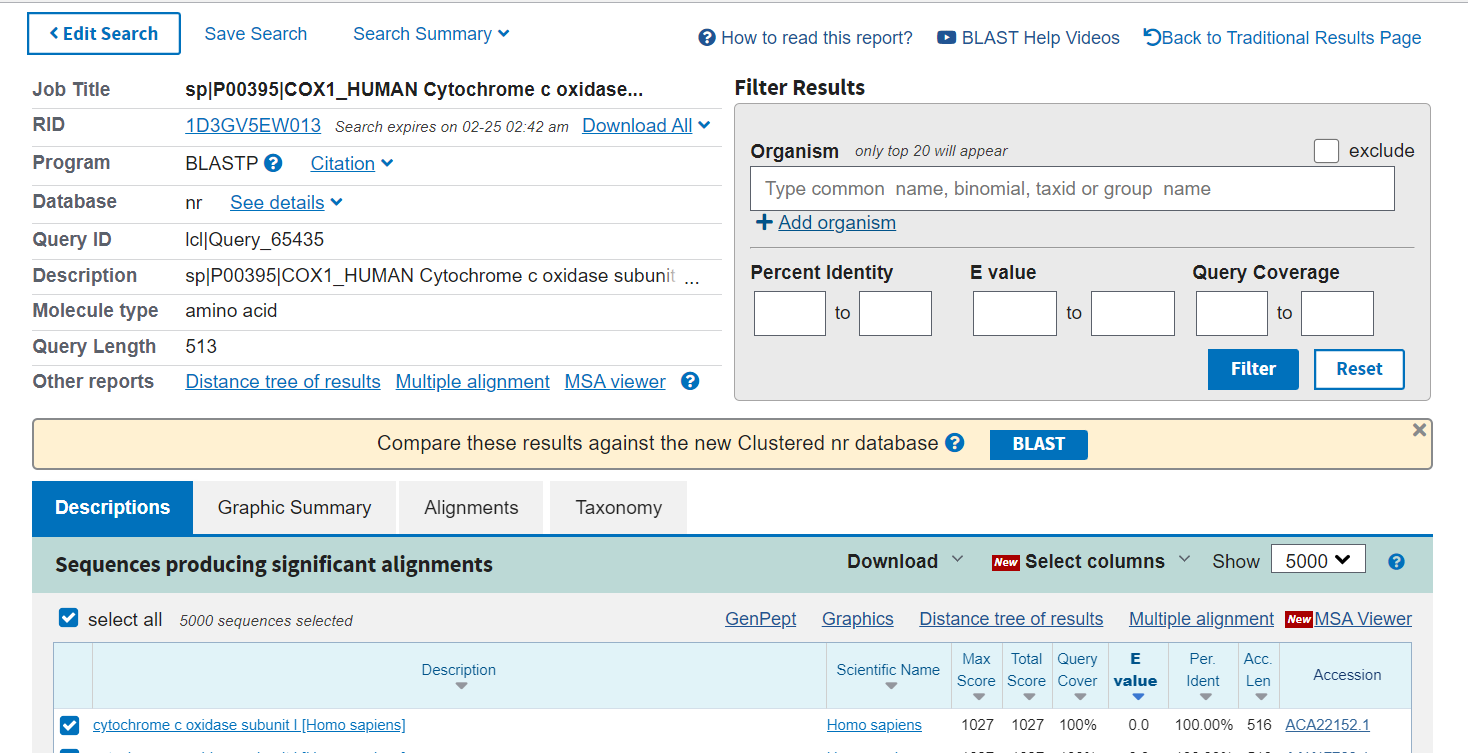
Теперь поменяю длину слова



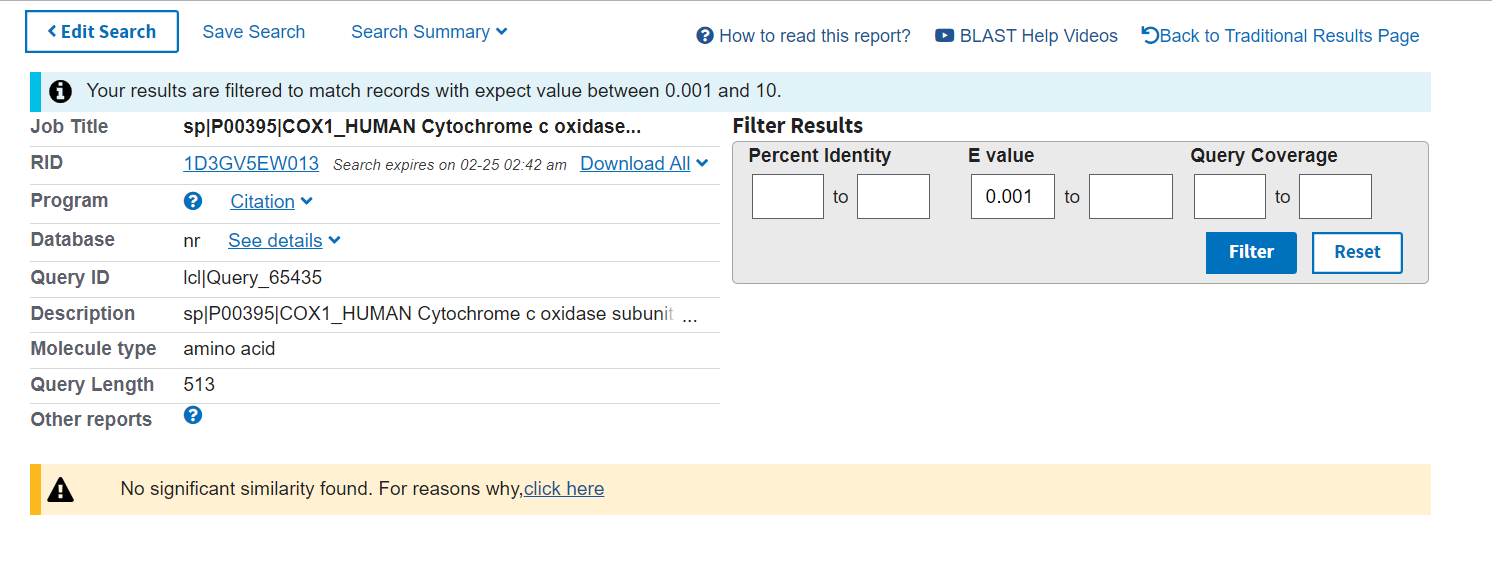
Я сломала Бласт



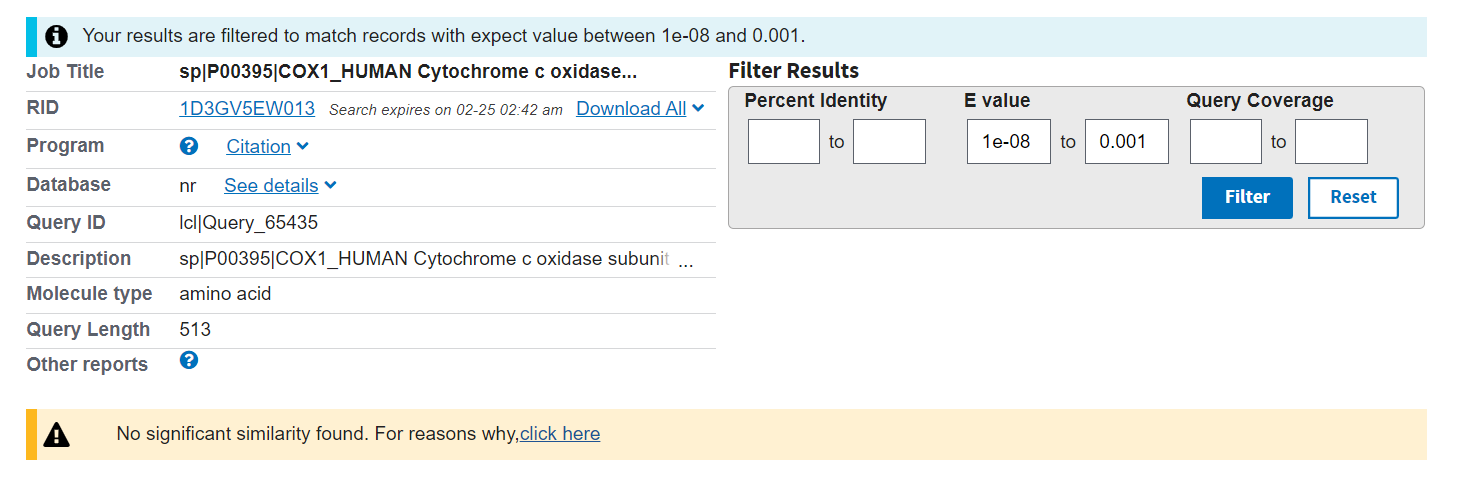
По итогу опять получили 5000 метчей

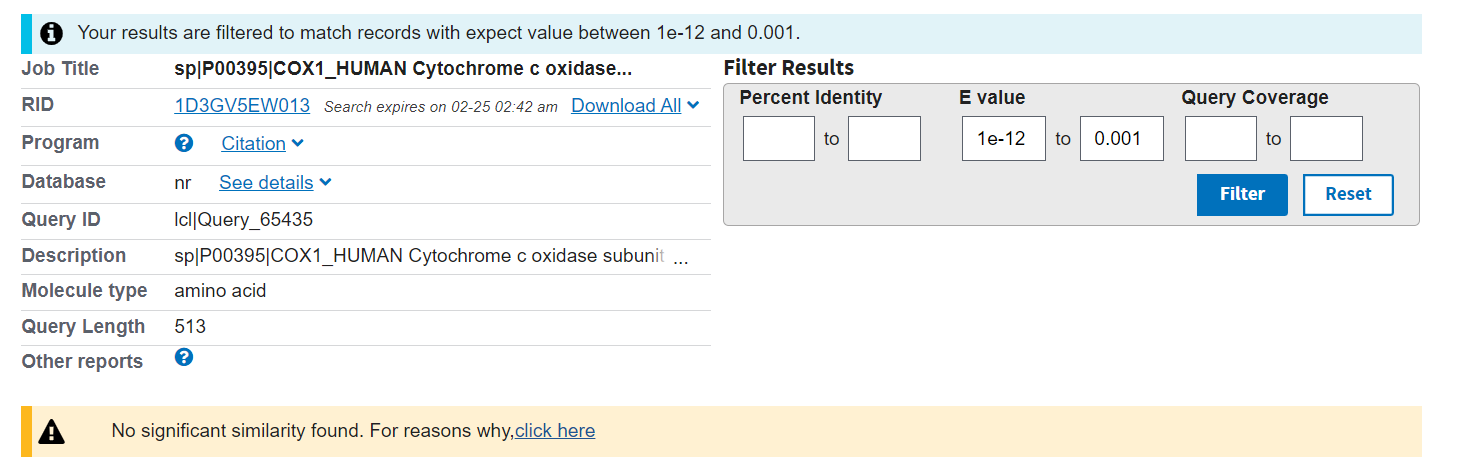


фильтр по Е-значению опять дал 0 результатов



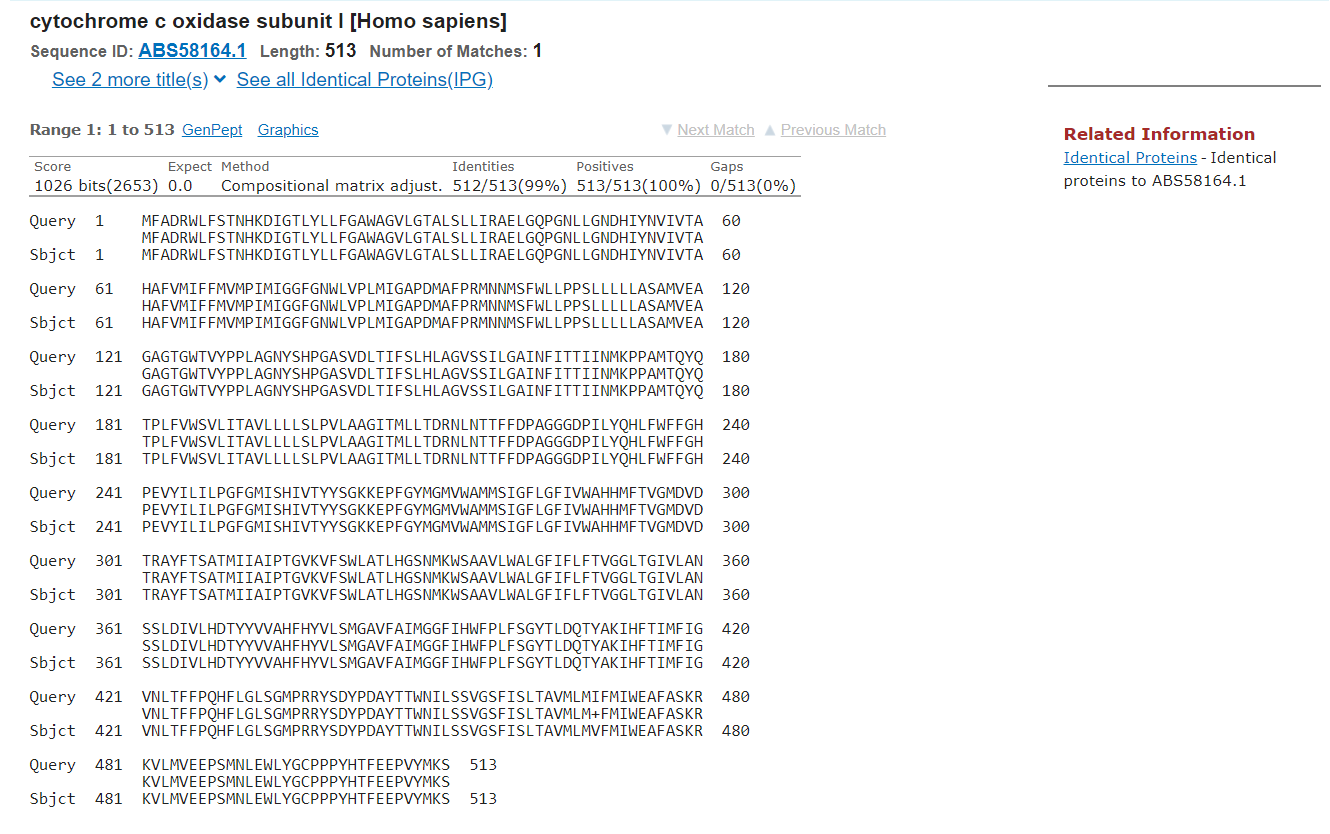
Е-значение от 0.00000001 до 0.001





Тем ни менее из отличий с заданием №1 могу отметить, что появились результаты с более высоким совпадением как 99%

****

****



НЕТ ВОЗМОЖНОСТИ ВЫБРАТЬ Е-ЗНАЧЕНИЕ != 0.0

**Ссылки для проверки**:

<https://www.uniprot.org/blast/uniprot/B20220223F248CABF64506F29A91F8037F07B67D102FF8E4>

Мой белок

<https://www.uniprot.org/blast/uniprot/B20220223F248CABF64506F29A91F8037F07B67D102FF8E4?alignment=1>

1ое совпадение

<https://www.uniprot.org/uniprot/P00395>

2ое совпадение

<https://www.uniprot.org/uniprot/Q9T9W1>