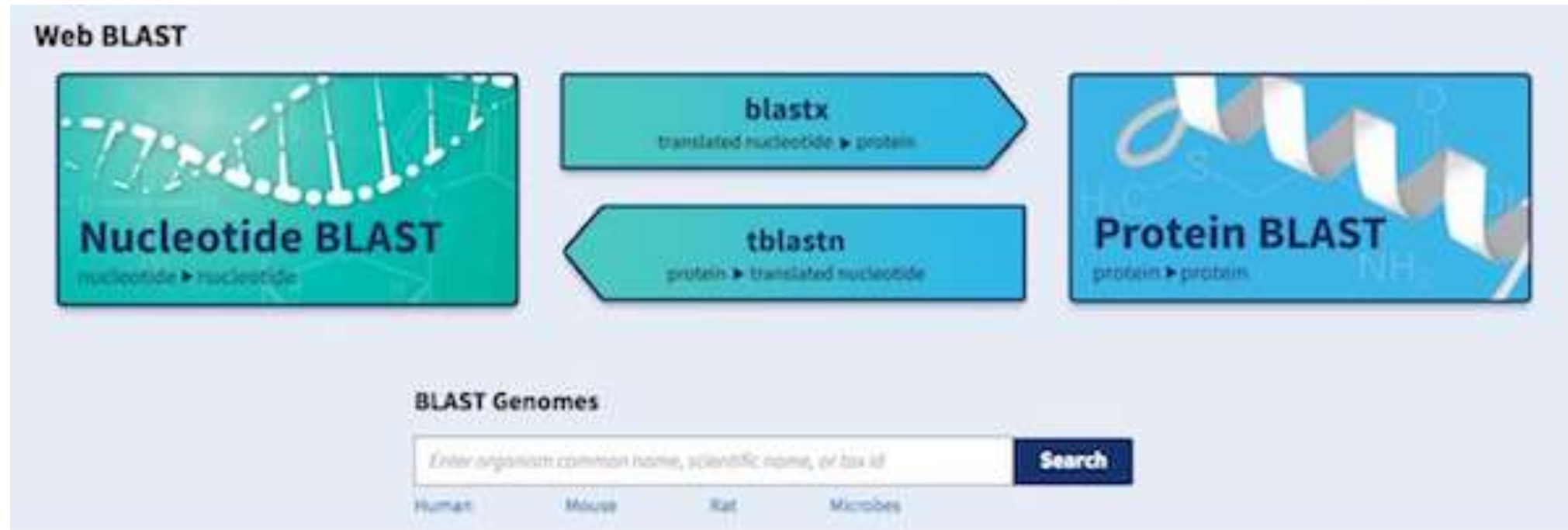


BLAST: Ardıcılıqları müqayisə etmək və tanımaq

Əsas Yerli Uyğunlaşdırma Axtarış Aləti (BLAST)

Əsas Yerləşdirmə Axtarış Aləti (BLAST) sekanslar arasındakı bənzərlikləri tapır. Program nukleotid və ya protein sekanslarını müqayisə edir və uyğunluqların statistik əhəmiyyətini hesablayır. BLAST, sekanslar arasındakı funksional və evrimsel əlaqələri çıxarmağa kömək edə bilər, həmçinin gen ailələrinin üzvlərini müəyyən etməyə kömək edir.



Bir neçə növ BLAST axtarışı mövcuddur. NCBI-nin WebBLAST xidmətində dörd əsas axtarış növü təklif olunur:

BLASTn (Nükleotid BLAST)

**BLASTx (tərcümə olunmuş nükleotid sekansı ilə protein sekansları
arasındakı axtarış)**

**tBLASTn (protein sekansları ilə tərcümə edilmiş nükleotid sekansları
arasındakı axtarış)**

BLASTp (Protein BLAST)

Sekansdan Proteinə və Genə

Sekansların tədqiqi, xüsusilə də nükleotid (DNA və ya RNA) və protein sekanslarının müqayisəsi, genetik və proteomik tədqiqatlarda mühüm rol oynayır. Genetik məlumatın təhlili, bir çox müxtəlif bioinformatik yanaşmalarla həyata keçirilir. Burada nükleotid sekansları, bir genin kodlaşdırdığı proteinlərlə əlaqəli məlumatları əldə etməyə kömək edir.

1.Sekansdan Proteinə

Nükleotid sekansı, üçlü kodonlar (nükleotidlərin üçlü qrupları) vasitəsilə proteini kodlaşdırır. Bu proses "transkripsiya" və "tərtib" (tərcümə) adlanır.

2.Sekansdan Genə

Nükleotid sekansları, eyni zamanda genetik materialı kodlaşdıran əsas məlumatları təmin edir. Bir gen, müəyyən bir protein və ya funksional RNA molekulunun sintezini idarə edən nükleotid ardıcılığından ibarətdir.

Sekansdan Proteinə və Genə

Məqsəd: Bir sekansdan başlayaraq, proteini və ya geni və mənbəyini müəyyənləşdirin.

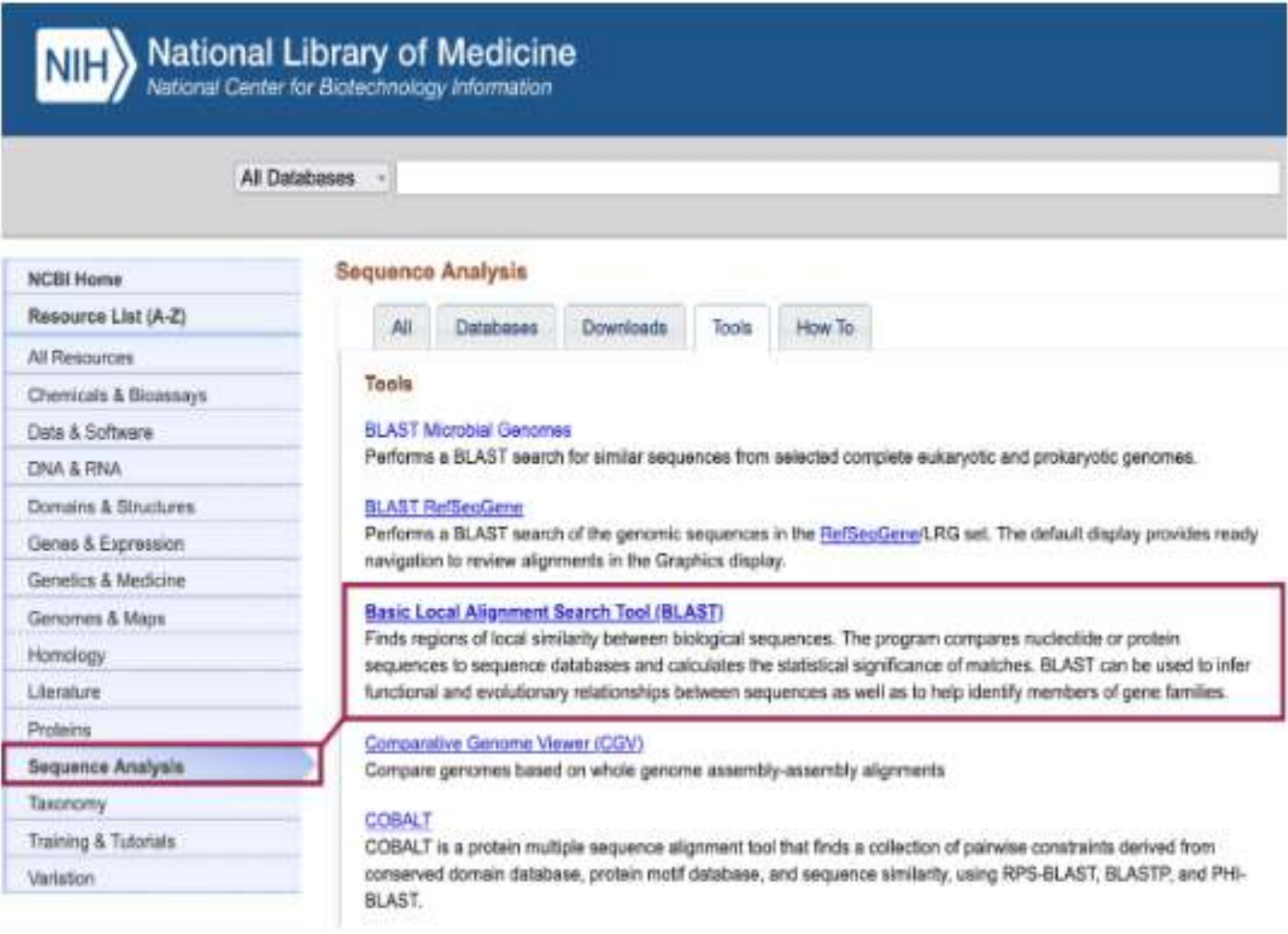
Nümunə: Aşağıdakı sekansı istifadə edərək (<http://tinyurl.com/blastp-sequence> ünvanından mövcuddur və ya sekansı aşağıda kopyalayın), ən ehtimal olunan proteini və orqanizmi müəyyənləşdirin:

```
MSKRKAPQET LNGGITDMLT ELANFEKNVS QAIHKYNAYR KAASVIAKYP HKIKSGAEAK
KLPGVGTKIA EKIDEFLATG KLRKLEKIRQ DDTSSSINFL TRVSGIGPSA ARKFVDEGIK
TLEDLRKNED KLNHHQRIGL KYFGDFEKRI PREEMLQMQD IVLNEVKKVD SEYIATVCGS
FRRGAESSGD MDVLLTHPSF TSESTKQPKL LHQVVEQLQK VHFITDTLSK GETKFMGVCQ
LPSKNDEKEY PHRRIDIRLI PKDQYYCGVL YFTGSDIFNK NMRAHALEKG FTINEYTIRP
LGVTGVAGEP LPVDSEKDIF DYIQWKYREP KDRSE
```

Bir sekansı sorğulamaq

Protein və gen sekansı müqayisələri BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) ilə aparılır.

BLAST-ı əldə etmək üçün Sequence Analysis > Tools > BLAST bölməsinə keçirik.



Bu, tanımadığımız bir protein sekansıdır və onu tanınmış protein sekansları ilə müqayisə edərək müəyyən etməyə çalışırıq, buna görə də **BLAST** menyusundan Protein BLAST seçilməlidir.

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance.

[Learn more](#)


Introducing: Magic-BLAST

Magic-BLAST is a new tool for mapping large sets of next-generation RNA or DNA sequencing runs against a whole genome or transcriptome.

Wed, 24 Aug 2016 11:00:00 EST

[More BLAST news...](#)


Web BLAST



Nucleotide BLAST
nucleotide → nucleotide

blastx
translated nucleotide → protein

tblastn
protein → translated nucleotide



Protein BLAST
protein → protein

BLAST Genomes

Human Mouse Rat Microbes

Sorğu sekansını **axtarış qutusuna** daxil edin, **bir iş başlığı** təmin edin, axtarılacaq bir **verilənlər bazası** seçin və **BLAST** düyməsini basın.

BLAST®

Basic Local Alignment Search Tool

My NCBI

Sign In | Register

Home

Recent Results

Saved Strategies

Help

NCBI BLAST/ blastp suite

Standard Protein BLAST

blastn

blastp

blastx

tblastn

tblastx

Enter Query Sequence

BLASTP programs search protein databases using a protein query: more...

FASTA PAGE

BOOKMARKS

Enter accession number(s), g|s|, or FASTA sequence(s)

Clear

Query subrange

From

To

MSKRIAPDSTINGGTTDLTELANTEIGNVSCATINKINAYKKAAYIAKYFNKIKSGAZAKGLPS
VSTHIAKRIIDFLATQWLSKLEKIQDDTSSINFIIRVSGIGPSAARFVDSQITLEDLAN
ECKLRHNGRIGLKYFDDYKRIPEEMLGAGQDIVLRVWVDSEYIATVCGSFPRGAESEGGND
VLSIEPFTTSESTKPKLIAGVVGQGNVFTITDTLAKRETKHGVQLPQNDSEYPRRAID
IRLIDQDQYVQGVIAFTTSGDIEMKRDARALSHQFTINSYIIRFLQVTVAGEPLFVDSKQIF
DWIQWYTRPKDQSE

Or, upload file

Browse...

No file selected

Job Title

Protein example 1

Enter a descriptive title for your BLAST search

Align two or more sequences

Choose Search Set

Database

Non-redundant protein sequences (nr)

Organism

Optional

Enter organism name or id--completions will be suggested

Exclude

Optional

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown

Exclude

Optional

Models (XM/XP)

Uncultured/environmental sample sequences

Entrez Query

Optional

Enter an Entrez query to limit search

You

Create custom database

Program Selection

Algorithm

blastp (protein-protein BLAST)

PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)

PHI-BLAST (Pattern Hit Initiated BLAST)

DELTA-BLAST (Domain Enhanced Lookup Time Accelerated BLAST)

Choose a BLAST algorithm

BLAST

Search database Non-redundant protein sequences (nr) using Blastp (protein-protein BLAST)

Show results in a new window

Alignments sekmesinin altında, **Alignment view** yanında **Pairwise with dots for identities** seçin.

[◀ Edit Search](#) [Save Search](#) [Search Summary ▼](#) [? How to read this report?](#) [▶ BLAST Help Videos](#) [↶ Back to Traditional Results Page](#)

Filter Results

Organism *only top 20 will appear* ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[+ Add organism](#)

Percent Identity to

E value to

Query Coverage to

Filter **Reset**

ST

Descriptions Graphic Summary **Alignments** Taxonomy

Alignment view

Pairwise
✓ Pairwise with dots for identities
Query-anchored with dots for identities
Query-anchored with letters for identities
Flat query-anchored with dots for identities
Flat query-anchored with letters for identities

Download

polymerase beta, partial [synthetic construct]
Sequence ID: [AA06812.1](#) Length: 336 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 335 [GenPlot](#) [Graphics](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
696 bits(1795)	0.0	Compositional matrix adjust.	335/335(100%)	335/335(100%)	0/335(0%)
Query 1			MSKKKAPGQTLHOCITDGLTYLANYEKSVGQAIHRYXATRSAAASVIATPSPKIKSGEAK		60
RefSeq 1				60
Query 61			KLPGVGTIAEKIIEFLATQKLKLEKIRQOOTSSSINYLTVSGGIPSAARAPYDSGIR		120
RefSeq 61				120

Təsvirlər (Descriptions) nişanına baxaraq əhəmiyyətli uyğunlaşmaların siyahısını görə bilərsiniz. Qeyd edin ki, ilk uyğunlaşma sintetik konstruksiyadır (yəni bu sekans kompüter vasitəsilə yaradılıb və heç bir orqanizmlə əlaqəli deyil).

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download

Select columns

Show

100

☒ select all

100 sequences selected

[GenPept](#)

[Graphics](#)

[Distance tree of results](#)

[Multiple alignment](#)

[MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens	684	684	100%	0.0	99.10%	335	NP_002681.1
<input checked="" type="checkbox"/>	polymerase beta, partial [synthetic construct]	synthetic construct	684	684	100%	0.0	99.10%	336	AAX36812.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens	684	684	100%	0.0	99.10%	341	5VRW_A
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens							
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens							
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens							
<input checked="" type="checkbox"/>	POLB, partial [synthetic construct]	synthetic construct							
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens							
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens							
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens							
<input checked="" type="checkbox"/>	Chain A, DNA polymerase beta [Homo sapiens]	Homo sapiens							

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Alignment view

Pairwise with dots for identities

Restore defaults

Download

100 sequences selected

Download

GenPept

Graphics

Next

Previous

Descriptions

DNA polymerase beta [Homo sapiens]

Sequence ID: [NP_002681.1](#) Length: 335 Number of Matches: 1

[See 290 more title\(s\)](#) [See all Identical Proteins\(IPG\)](#)

Range 1: 1 to 335 [GenPept](#) [Graphics](#)

Need Match

Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
684 bits(1766)	0.0	Compositional matrix adjust.	332/335(99%)	332/335(99%)	3/335(0%)
Query 1	MSKRKAPQETLNGGITDMLTELANFEKNVSQAIHKYNAYRKAASVIKYPHKIKSGAEAK	60			
Sbjct 1	60			
Query 61	KLPGVGTXIAEKIDFLATGKLRKLEKIRQDOTSSSINFLTRVSGIGPSAARKFVDEGIK	120			
Sbjct 61	120			
Query 121	TLEDLRKNEKLNHHQRIGLKYPGDFEKIPREEMLMQDQIVLNEVKKVDSEYIATVCGS	180			
Sbjct 121	180			
Query 181	FRRGAESSGDMOVLTLHPSFTSESTKQPKLLHQVVEQLQKVHFITDTLSKGETKFMGVCQ	240			
Sbjct 181	240			
Query 241	LPSKNDEKEYPHRRIDIRLIP---YYCGVLYFTGSDIFNKNMRAHALEKGFTINEYTIRP	297			
Sbjct 241KDQ.....	300			
Query 298	LGVTGVAGEPLVDSEKIDFYIQWKYREPQRSE	332			
Sbjct 298	332			

Related Information

[Gene](#) - associated gene details

[AlphaFold Structure](#) - 3D structure displays

[Genome Data Viewer](#) - aligned genomic context

[Identical Proteins](#) - Identical proteins to NP_002681.1

Verilən BLAST hizalama nəticəsində **qırmızı ilə göstərilən hissə**, *Query* və *Sbjct* (Subjekt — yəni verilənlər bazasındakı uyğun sekans) arasında **tam eyni olmayan və ya uyğunluq problemi olan** bölgələri göstərmək üçün istifadə olunur.

Query	241	LPSKNDEKEYPHRRIDIRLIP---YYCGVLYFTGSDIFNKNMRAHALEKGFTINEYTIRP	297
Sbjct	241KDQ.....	300

"Cütlü uyğunlaşma görünüşü"ndə (pairwise with dots for identities), **subyekt sekansında** sorğu sekansı ilə **fərqlənən hər hansı amin turşusu qırmızı rəngdə** göstəriləcəkdir.

- Query (Sorgu) və Sbjct (Subject – uyğun seqment)**
- Query:** Sizin daxil etdiyiniz naməlum zülal və ya DNT/RNT sekansıdır.
 - Sbjct:** BLAST verilənlər bazasındakı uyğun gələn sekansdır.

Standart görünüş üçün açar:

Max[imum] Score (Maksimum Bal): Uyğunlaşdırılmış nukleotidlər üçün verilən mükafatların və uyğunsuzluqlar və boşluqlar üçün tətbiq olunan cəzaların cəmi əsasında hesablanan ən yüksək uyğunlaşma balıdır.

Total Score (Ümumi Bal): Eyni subyekt sekansından olan bütün seqmentlərin uyğunlaşma ballarının cəmidir.

Query Cover[age] (Sorgu Əhatə Faizi): Uyğunlaşdırılmış seqmentlərə daxil olan sorgu uzunluğunun faizidir.

E[xpect] Value (Gözlənilən Dəyər / E-dəyəri): Hesablanan bala bərabər və ya ondan yaxşı uyğunlaşmaların təsadüfən gözlənilən sayıdır. Gözlənilən dəyər standart çeşidləmə meyarıdır; əhəmiyyətli uyğunlaşmalar üçün E-dəyəri sıfıra çox yaxın olmalıdır.

Ident[ity] (Eynilik): Eyni subyekt sekansına uyğunlaşdırılmış seqmentlər üçün ən yüksək faiz özdeşlikdir.

Acc[ession] Len[gth] (Giriş Uzunluğu): Nəticə sekansında, giriş nömrəsi ilə müəyyən olunan nukleotidlərin və ya amin turşularının sayıdır.

Accession [number] (Giriş Nömrəsi): NCBI verilənlər bazasındakı qeydlərə verilmiş unikal identifikator nömrəsidir.

Bir protein adına kliklədikdə, cütlü uyğunlaşma (pairwise alignment) göstərilir və həmin proteine və əlaqəli genə (əgər varsa) dair əlavə məlumatlara keçid verilir.

[Download](#) [GenPept](#) [Graphics](#)

[Next](#) [Previous](#) [Descriptions](#)

DNA polymerase beta [Homo sapiens]

Sequence ID: [NP_002681.1](#) Length: 335 Number of Matches: 1

[See 290 more title\(s\)](#) [See all Identical Proteins\(IPG\)](#)

Range 1: 1 to 335 [GenPept](#) [Graphics](#)

[Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
684 bits(1766)	0.0	Compositional matrix adjust.	332/335(99%)	332/335(99%)	3/335(0%)
Query 1	MSKRKAPQETLNGGITDMLTELANFEKNVSQAIHKYNAYRKAASVIAKYPHKIKSGAEAK	60			
Sbjct 1	60			
Query 61	KLPGVGTKIAEKIDFLATGKLRKLEKIRQDDTSSSINFLTRVSGIGPSAARKFVDEGIK	120			
Sbjct 61	120			
Query 121	TLEDLRKNEDKLNHHQRIGLKYFGDFEKRIPREEMLMQDIVLNEVKKVDSEYIATVCGS	180			
Sbjct 121	180			
Query 181	FRRGAESSGDMVDLLTHPSFTSESTKQPKLLHQVVEQLQKVHFITDTLSKGETKFMGVCQ	240			
Sbjct 181	240			
Query 241	LPSKNDEKEYPHRRIDIRLIP---YYCGVLYFTGSDIFNKNMRAHALEKGFTINEYTIRP	297			
Sbjct 241 KDQ	300			
Query 298	LGVTGVAGEPLPVDSEKDIFDYIQWKYREPKDRSE	332			
Sbjct 301	335			

Related Information

[Gene](#) - associated gene details

[AlphaFold Structure](#) - 3D

structure displays

[Genome Data Viewer](#) - aligned

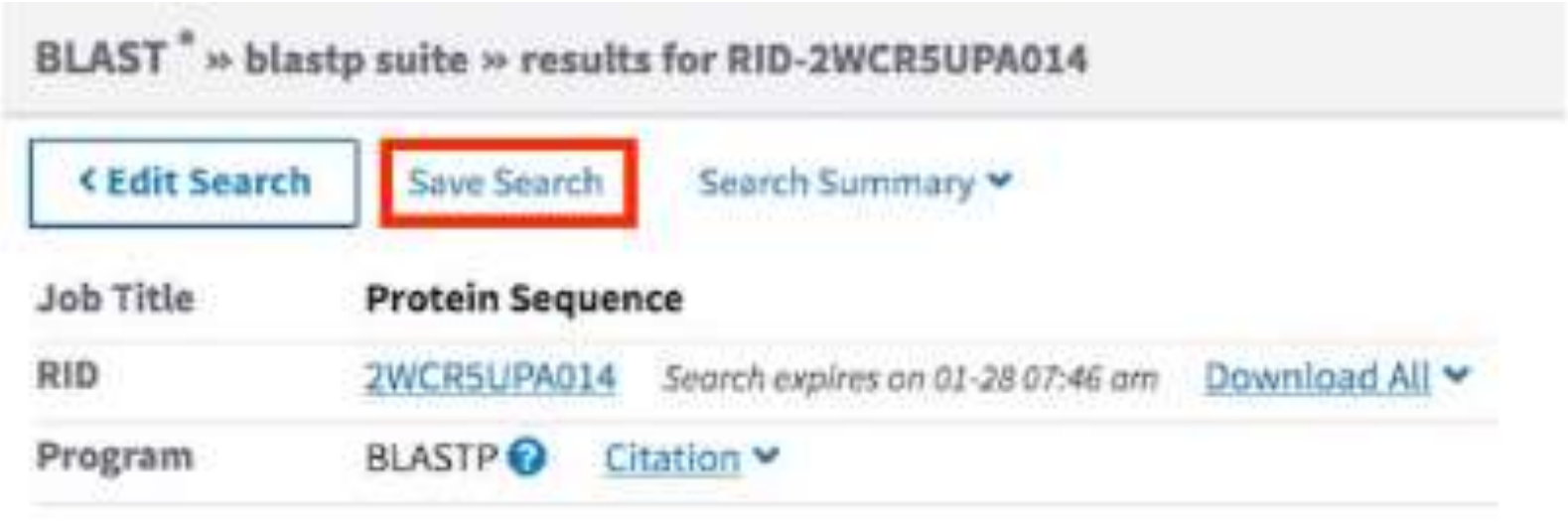
genomic context

[Identical Proteins](#) - Identical

proteins to NP_002681.1

Nəticələrinizi saxlamaq

Axtarış sorğularınızı və tənzimləmələrinizi saxlamaq üçün **"Save Search"** (Axtarışı saxla) keçidinə klikləyin, sonra yuxarı sağ küncdəki **"Sign in or Register"** (Daxil ol və ya Qeydiyyatdan keç) keçidi vasitəsilə **My NCBI** sisteminə daxil olun. Bunu etdikdən sonra, axtarış strategiyalarınız **"Saved Search Strategies"** (Saxlanılmış Axtarış Strategiyaları) nişanında görünəcəkdir.



İki və ya daha çox ardıcılığın müqayisəsi

Obyekt: İki və ya daha çox ardıcılıqla başlayaraq onları müqayisə edin və fərqlilikləri tapın.

Nümunə: NCBI verilənlər bazasında Nucleotide bölməsində aşağıdakı axtarışı edin:

human[organism] AND mitochondrion[title]

Bu axtarış insanlardan alınmış və başlığında "mitochondrion" (mitoxondriya) sözü olan nuklein turşusu ardıcılıqlarını tapacaq. Mitoxondrial DNT tez-tez təkamül müqayisələri üçün istifadə olunur, çünki bu, yalnız ana xətti ilə ötürülür və rekombinasiya səviyyəsi aşağıdır.

NCBI Resources How To

Nucleotide Nucleotide human[orgn] AND mitochondrion[ti]
Create alert Advanced

Species
Animals (41,623)
Customize ...

Molecule types
genomic DNA/RNA (41,621)
mRNA (2)
Customize ...

Source databases
INSDC (GenBank) (41,620)
RefSeq (3)
Customize ...

Genetic compartments
Mitochondrion (41,621)

Sequence length
Custom range...

Summary 20 per page Sort by Default order

Items: 1 to 20 of 41623

Found 41721 nucleotide sequences. Nucleotide (41623) EST (98)

☐ [Homo sapiens haplogroup H16f mitochondrion, complete genome](#)

1. 16,568 bp circular DNA
Accession: MG649088.1 GI: 1298094943
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ [Homo sapiens haplogroup J1c5a mitochondrion, complete genome](#)


2. 16,568 bp circular DNA
Accession: MG427079.1 GI: 1298094543
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

Nəticələri yalnız NCBI Reference Sequences (İstinad Ardıcılıqları) ilə məhdudlaşdırmaq üçün sol tərəfdəki Filter (Süzgəc) menyusunda Source databases (Mənbə verilənlər bazası) bölməsindən **RefSeq** seçimini edin. Bunlar NCBI əməkdaşları tərəfindən yoxlanılmış və annotasiya olunmuş yüksək keyfiyyətli ardıcılıqlardır.

İnsanlarda mitoxondrial genom üçün üç Referans Ardıcılıq mövcuddur: biri müasir insanlar (Homo sapiens) üçün, biri Neandertallar (Homo sapiens neanderthalensis) üçün və biri Denisovalılar (Homo sp. Altai) üçün.

Sağ tərəfdəki discovery (kəşf) menyusunda **Analyze these sequences** (Bu ardıcılıqları analiz et) bölməsində **Run BLAST** (BLAST işə sal) düyməsini klikləyin.

Items: 3

 Filters activated: RefSeq. [Clear all](#)

☐ [Homo sapiens mitochondrion, complete genome](#)

1. 16,569 bp circular DNA

Accession: NC_012920.1 GI: 251831106

[Assembly](#) [BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

☐ [Homo sapiens neanderthalensis mitochondrion, complete genome](#)

2. 16,565 bp circular DNA

Accession: NC_011137.1 GI: 196123578

[BioProject](#) [Protein](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)

[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

Results by taxon 

Top Organisms [Tree](#)

Homo sapiens (3)


Analyze these sequences 

Run BLAST

Find in these sequences

Find related data 

Database:

Select 

- ❖ Bu əməliyyat **BLASTn** (Nucleotide BLAST) səhifəsini açacaq və həmin Referans Ardıcılıqların accession nömrələrini avtomatik olaraq **Query Sequence** (Sorgu Ardıcılığı) qutusuna əlavə edəcək.
- ❖ Ardıcılıqları müqayisə etmək üçün **Query Sequence** qutusunun altındakı **Align two or more sequences** (İki və ya daha çox ardıcılığı hizala) seçimini işarələyin. Müasir insanın mitoxondrial genom ardıcılığını (NC_012920.1), Neandertal (NC_011137.1) və Denisova (NC_013993.1) ardıcılıqları ilə BLAST etmək üçün, son iki accession nömrəsini **Query Sequence** qutusundan kopyalayıb **Subject Sequence** (Mövzu Ardıcılığı) qutusuna yapışdırın.

Align Sequences Nucleotide BLAST

blastn

[blastp](#)

[blastx](#)

[tblastn](#)

[tblastx](#)

Enter Query Sequence

BLASTN programs search nucleotide subjects using a nucleotide query.

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) 

[Clear](#)

Query subrange 

NC_012920.1

From

To

Or, upload file

[Browse...](#)


No file selected.




Job Title

NC_012920:Homo sapiens mitochondrion, complete...

Enter a descriptive title for your BLAST search 

☒ Align two or more sequences 

Enter Subject Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) 

[Clear](#)

Subject subrange 

NC_011137.1

NC_013993.1

From

To

❖ Bir iş adı (job title) daxil edin və digər parametrləri dəyişmədən **BLAST** düyməsini klikləyin.

İki nəticə görməlisiniz — burada sorğu ardıcılığı (müasir insan) hər biri Neandertal və ya Denisova olan mövzu ardıcılıqları ilə müqayisə olunur. Qeyd edin ki, sorğu ardıcılığı Neandertal ardıcılığı ilə 99%, Denisova ardıcılığı ilə isə 98% oxşarlığa malikdir.

❖ Ardıcılıqların necə fərqləndiyini və bunun bioloji əhəmiyyətini görmək üçün:

- **Alignments** (Hizalanmalar) sekmesine keçin və **Alignment view** (Hizalanma görünüşü) açılan menyusundan **Pairwise with dots for identities** (Eyniliklər üçün nöqtələrlə cüt müqayisə) seçimini edin.

- **CDS feature** (CDS xüsusiyyəti) yanındakı qutuyu işarələyin.

İlk nəticənin adına (Homo sapiens neanderthalis) klikləyin. İki ardıcılığın baza-baza müqayisəsini iki sətirdə görəcəksiniz. Yuxarı sətirdə **sorğu ardıcılığı** (müasir insan) göstərilir. İkinci sətirdə isə **mövzu ardıcılığı** (qədim insan) əks olunur — burada mövzu ardıcılığının sorğu ilə eyni olan bazaları nöqtələrlə əvəz olunub, fərqli olan bazalar isə **qırmızı** rənglə göstərilir.

Birinci **CDS** (kodlaşdıran ardıcılıq) hissəsinə qədər aşağıya sürüşdürün. CDS bölgələri dörd sətirdə təqdim olunur:

- 1.sətir — sorğu ardıcılığının (müasir insan) amin turşusu tərcüməsi,
- 2.sətir — sorğu DNT ardıcılığı,
- 3.sətir — mövzu DNT ardıcılığı (qədim insan),
- 4.sətir — mövzu ardıcılığının amin turşusu tərcüməsi.

CDS:NADH dehydrogena	1	
Query	3301	AACAACATACCCATGGCCAACCTCCTACTCCTCATTGTACCC
Sbjct	3296 C G
CDS:NADH dehydrogena	1	M P M A N L L L L I V P
		M A N L L L L V V P

Qeyd edək ki, müasir insanlarda protein ardıcılığının əvvəlində Neandertallarla müqayisədə iki əlavə amin turşusu — **M (metionin)** və **P (prolin)** mövcuddur. Bu fərq, müasir insan ardıcılığında **3308-ci mövqedə T (timin)** nukleotidinin olması, Neandertal ardıcılığında isə həmin mövqedə **C (sitozin)** nukleotidi ilə əvəz olunması ilə əlaqədardır.

Həmçinin, müasir insan ardıcılığında **3334-cü mövqedə A (adenin)** nukleotidinin Neandertal ardıcılığında **G (guanin)** ilə əvəz olunması, protein ardıcılığında amin turşusu fərqinə səbəb olur. Belə ki, müasir insanın protein ardıcılığında **I (izoleusin)**, Neandertal protein ardıcılığında mövcud olan **V (valin)** amin turşusunu əvəz edir.

"Amino acid properties" və "Amino acid properties and consequences of substitution: Valine" bölmələrinə keçin və bu dəyişikliyin bioloji əhəmiyyətini araşdırın. **Izoleusin (I)** əvəzinə **valin (V)** gəlməsi protein quruluşuna və funksiyasına ciddi təsir göstərə bilərmə? Bu dəyişiklik **konservativ mutasiya** kimi görünürmü (yəni protein quruluşuna və funksiyasına az və ya heç bir təsir etməyən), yoxsa **qeyri-konservativ mutasiya**dır (yəni protein quruluşuna və funksiyasına əhəmiyyətli dərəcədə təsir edən)?

İndi Denisova nəticəsinə doğru aşağıya sürüşdürün və sorğu ardıcılığında **3308** və **3334** mövqelərinə baxın.

Denisova ardıcılığında bu mövqelərdə hər hansı fərq varmı?

Növlərin təkamül baxımından necə əlaqəli olduğunu görmək üçün:

Description (Təsvir) sekmesine keçin və **Distance tree of results** (Nəticələrin məsafə ağacı) linkinə klikləyin.

Dördbucaqlı kladogram (rectangle cladogram) göründükdə, menyudan **Tools > Layout** (Alətlər > Quruluş)

bölməsinə gedin və **Slanted Cladogram** (Əyilmiş kladogram) seçimini edin.

Müasir insanlar **Denisovalılarla** mı, yoxsa **Neandertallarla** mı daha yaxın qohumdur?

This tree was produced using BLAST pairwise alignments. [more...](#)

[Reset Tree](#)

BLAST RID [21VS7ER9114](#)

Query ID [NC_012920.1](#)

Database n/a

Tree method

Fast Minimum Evolution

Max Seq Difference

0.75

Sequence Label

Sequence Title (if avail:▼

Mouse over an internal node for a subtree or alignment. Click on tree label to select sequence to download

[Hide legend](#)

Label color map

query
from type material

Blast names color map

primates

Find: all - + TXT

Tools Upload



Success

Nodes 5(0 selected) View port at (0,0) of 1330x379 0.001

BLAST is a registered trademark of the National Library of Medicine

[Support center](#)

[Mailing list](#)



NCBI

[Reset Tree](#)

BLAST RID [21VS7ER9114](#)

Query ID [NC_012920.1](#)

Database n/a

Tree method
Fast Minimum Evolution ▾

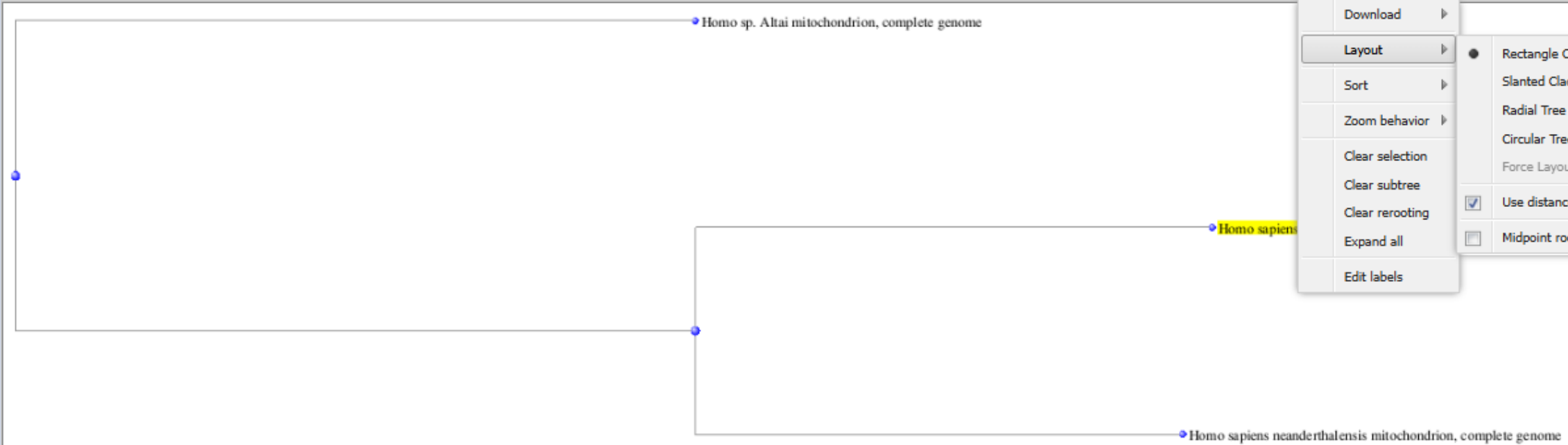
Max Seq Difference
0.75 ▾


Sequence Label
Sequence Title (if avail: ▾

Mouse over an internal node for a subtree or alignment. Click on tree label to select sequence to download

[Hide legend](#)

Find: all - + TXT       



Tools ▾ | Upload |  ? ▾

Download ▾

Layout ▾

- Rectangle Cladogram
- Slanted Cladogram
- Radial Tree
- Circular Tree
- Force Layout

Sort ▾

Zoom behavior ▾

Clear selection

Clear subtree

Clear rerooting

Expand all

Edit labels

Use distance ☒

Midpoint root ☐

Label color map

query	mes color ma
from type material	ates

This tree was produced using BLAST pairwise alignments. [more...](#)

[Reset Tree](#)

BLAST RID [21VS7ER9114](#)

Query ID [NC_012920.1](#)

Database n/a

Tree method

Fast Minimum Evolution ▾

Max Seq Difference

0.75 ▾

Sequence Label

Sequence Title (if avail: ▾

Mouse over an internal node for a subtree or alignment. Click on tree label to select sequence to download

[Hide legend](#)

Find: all - + TXT

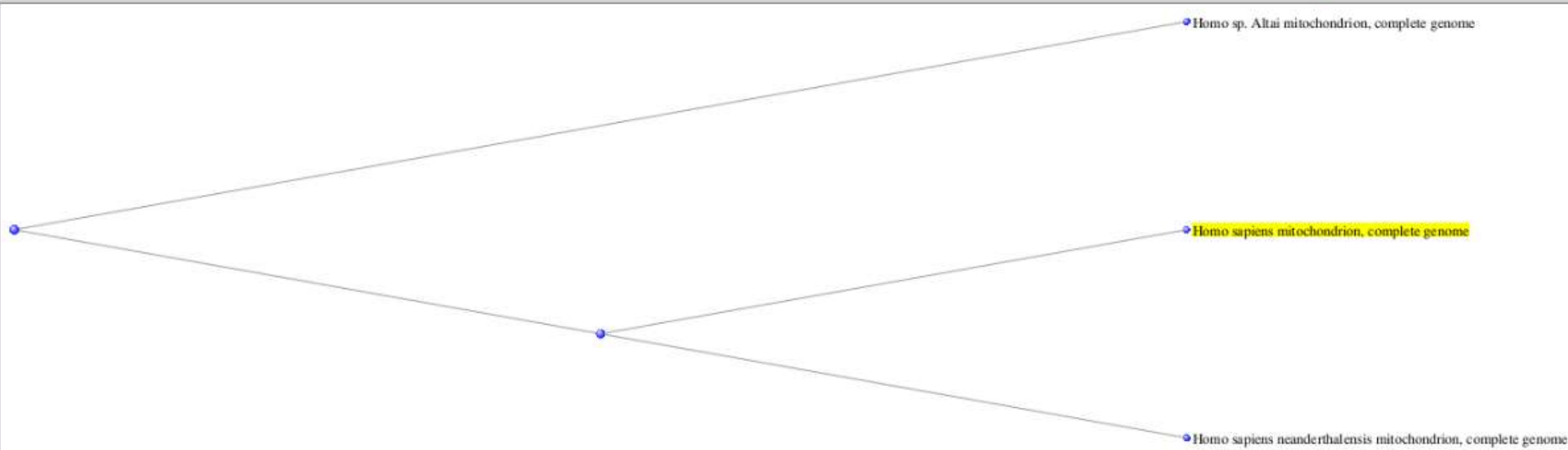
Tools Upload

Label color map

query
from type material

Blast names color map

primates



Success

Nodes 5(0 selected) View port at (0,0) of 1330x379

BLAST is a registered trademark of the National Library of Medicine

[support center](#)

[Mailing list](#)

[YouTube](#)

PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)

PSI-BLAST, standart BLAST-a nisbətən daha güclü bir alqoritmadır və zəif əlaqələri tapmaq üçün istifadə olunur. Bu alqoritm, əvvəlki nəticələrə əsaslanaraq daha çox əlaqəli ardıcılıqları müəyyən etmək üçün təkrarlanan bir yanaşma tətbiq edir. Bu, daha az oxşar, lakin biologiya baxımından əhəmiyyətli olan əlaqələri tapmağa kömək edir.

Nümunə:

Bir **protein sorğusunu** istifadə edərək əvvəllər müəyyən edilməmiş, amma mövcud olan çox bənzər protein ardıcılıqlarını tapmaq istəyirsinizsə, PSI-BLAST istifadə edə bilərsiniz.

1.Query Sequence (Sorğu): Bir protein ardıcılığı, məsələn: >P12345

2.Verilənlər Bazası: UniprotKB və ya **NR** (Non-redundant database)

3.Prosedur: PSI-BLAST ilk dəfə nəticə verir, sonra bu nəticələri istifadə edərək digər əlaqəli ardıcılıqları müəyyən edir və təkrarlayır.

BLASTx

BLASTx, nukleotid ardıcılığının altı çərçivəli (6-frame) konseptual çevirməsini protein verilənlər bazası ilə müqayisə edir. Bu alqoritm **nukleotid ardıcılığını** (məsələn, mRNA) protein ardıcılığına çevirmək üçün istifadə edilir.

Nümunə:

Bir **nukleotid sorğusunu** (məsələn, cDNA) istifadə edərək, bu ardıcılığın tərcümə edilərək mövcud protein verilənlər bazasında olan uyğun protein ardıcılıqları ilə müqayisə edilir.

1.Query Sequence (Sorğu): Bir nukleotid ardıcılığı, məsələn: >NM_001301717

2.Verilənlər Bazası: **SwissProt** və ya **RefSeq Protein**

3.Prosedur: Nukleotid ardıcılığı 6 çərçivədə çevrilir və protein verilənlər bazasında olan uyğunluqlar tapılır.

C-C chemokine receptor type 7 isoform X1 [Pan troglodytes]

Sequence ID: [XP_511477.3](#) Length: 378 Number of Matches: 1

Range 1: 4 to 378 [GenPept](#) [Graphics](#)

[▼ Next Match](#) [▲ Previous Match](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
704 bits(1816)	0.0	Compositional matrix adjust.	375/375(100%)	375/375(100%)	0/375(0%)	+1
Query 91		GKPMKSVLVALLVIFQVCLCQDEVTDDYIGDNTTVDYTLFESLCSKKDVRNFKAWFLPI			270	
Sbjct 4		GKPMKSVLVALLVIFQVCLCQDEVTDDYIGDNTTVDYTLFESLCSKKDVRNFKAWFLPI			63	
Query 271		MYSIICFvgllgnglvvltYIYFKRLKTMtdTYLLNLAVADILFLLTLPFWAYSAAKSWV			450	
Sbjct 64		MYSIICFVGLLGNGLVVLTYYIYFKRLKTMtdTYLLNLAVADILFLLTLPFWAYSAAKSWV			123	
Query 451		FGVHFCKLIFAIYKMSFFSGMLLLLCISIDRYVAIVQAVSAHRHRARVLLISKLSCVGIW			630	
Sbjct 124		FGVHFCKLIFAIYKMSFFSGMLLLLCISIDRYVAIVQAVSAHRHRARVLLISKLSCVGIW			183	
Query 631		ILATVLSIPELLYSDLQRSSSEQAMRCSLITEHVEAFITIQVQMVGFLVPLLAMSFY			810	
Sbjct 184		ILATVLSIPELLYSDLQRSSSEQAMRCSLITEHVEAFITIQVQMVGFLVPLLAMSFY			243	
Query 811		LVIIRTLLQARNFERNkaikviiavvvvfivfQLPYNGVLAQTVANFNITSSTCELSKQ			990	
Sbjct 244		LVIIRTLLQARNFERNKAIKVIIAVVVVFIVFQLPYNGVLAQTVANFNITSSTCELSKQ			303	
Query 991		LNIAVDVTYSLACVRCCVNPFLYAFIGVKFRNDLFKLFKDLGCLSQEQLRQWSSCRHIRR			1170	
Sbjct 304		LNIAVDVTYSLACVRCCVNPFLYAFIGVKFRNDLFKLFKDLGCLSQEQLRQWSSCRHIRR			363	
Query 1171		SSMSVEAETTTTFSP	1215			
Sbjct 364		SSMSVEAETTTTFSP	378			

Related Information

[Gene](#) - associated gene details
[AlphaFold Structure](#) - 3D structure displays
[Genome Data Viewer](#) - aligned genomic context

- Protein:** *C-C chemokine receptor type 7 isoform X1 [Pan troglodytes]*
- Protein ID:** XP_511477.3
- Uzunluğu:** 378 amin turşusu
- Uyğunluq:** 375/375 (100% uyğunluq — mükəmməl uyğunluq!)
- Gaps** (boşluqlar): 0%
- E-Value:** 0.0 → bu o deməkdir ki, **bu uyğunluq təsadüfi ola bilməz**, statistik olaraq **çox əhəmiyyətlidir**.
- Oxunuş çərçivəsi (Frame):** +1 (Bu o deməkdir ki, 1-ci oxunuş çərçivəsində uyğunluq tapılıb)

tBLASTx

tBLASTx, **nukleotid ardıcılığını** altı çərçivəli tərcümə edilərək **nukleotid verilənlər bazası** ilə müqayisə edir. Bu metod genetik müxtəlifliyi tədqiq edərkən və yeni genlər taparkən istifadə olunur.

Nümunə:

Bir **nukleotid sorğusunu** (məsələn, yeni tapılmış genetik ardıcılıq) istifadə edərək, bu ardıcılığı altı çərçivədə çevrilmiş nukleotid verilənlər bazası ilə müqayisə edirsiniz.

1.Query Sequence (Sorğu): Bir nukleotid ardıcılığı, məsələn: >NG_02252

2.Verilənlər Bazası: nt (nukleotid verilənlər bazası)

3.Prosedur: Sorğu ardıcılığı altı çərçivəyə çevrilir və verilənlər bazasında çevrilmiş ardıcılıqlarla müqayisə edilir.

[blastn](#)[blastp](#)[blastx](#)[tblastn](#)[tblastx](#)

TBLASTX search translated nucleotide databases using a

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#) [Clear](#)

```
>NG_02252
ATGCGTACGTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTA
CGATCGTAGCTAGCTAGCATCGTAGCTAGCTA
```

Query subrange [?](#)

From

To

Or, upload file

No file chosen



Genetic code

Standard (1)



Job Title

NG_02252

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)☐Align two or more sequences [?](#)

tBLASTn

tBLASTn, **protein sorğusunu** çevrilmiş nukleotid verilənlər bazası ilə müqayisə edir. Bu, **protein ardıcılığını** genetik materialla qarşılaşdırmaq üçün istifadə olunur.

Nümunə:

Bir **protein sorğusunu** (məsələn, bir zülalın quruluşu haqqında məlumat) istifadə edərək, bu ardıcılığı çevrilmiş nukleotid verilənlər bazası ilə müqayisə edirsiniz.

1.Query Sequence (Sorğu): Bir protein ardıcılığı, məsələn: >P12345

2.Verilənlər Bazası: nt (nukleotid verilənlər bazası)

3.Prosedur: Protein ardıcılığı çevrilmiş nukleotid verilənlər bazasında olan uyğun yerlərlə müqayisə edilir.

MegaBLAST

MegaBLAST, çox sayda giriş ardıcılığını müqayisə etmək üçün istifadə olunan xüsusi bir proqramdır. Bu alqoritm daha sürətli və effektiv bir şəkildə **genetik ardıcılıqları** müqayisə edir və əsasən çox sayda kiçik ardıcılıqların müqayisəsində istifadə olunur.

Nümunə:

Bir çox **nukleotid ardıcılığını** (məsələn, mikroorqanizm ardıcılıqları) **MegaBLAST** ilə sürətli şəkildə müqayisə edə bilərsiniz.

1.Query Sequence (Sorgu): Bir neçə kiçik nukleotid ardıcılığı.

2.Verilənlər Bazası: nt (nukleotid verilənlər bazası)

3.Prosedur: Bir çox sorgu ardıcılığını verilənlər bazasında sürətlə müqayisə edir.

Təşəkkürlər