

1.

## Gen 1

Predicted genes/exons:

Gn.Ex	Type	S	.Begin	...End	.Len	Fr	Ph	I/Ac	Do/T	CodRg	P....	Tscr..
1.01	Sngl	+	53	3781	3729	1	0	110	36	3485	0.849	336.62
1.02	PlyA	+	5597	5602	6							1.05
2.02	PlyA	-	9312	9307	6							1.05
2.01	Sngl	-	29533	29201	333	1	0	43	43	346	0.311	21.37
2.00	Prom	-	46857	46818	40							-3.05
3.03	PlyA	-	46923	46918	6							1.05
3.02	Term	-	51355	51246	110	2	2	82	36	136	0.870	5.49
3.01	Init	-	56840	56606	235	2	1	67	19	205	0.368	9.85

Eksony trzech różnych typów:

Typ	Start	Koniec	Niść	Ramka odczytu	Prwdpbd.
Sngl	53	3781	+wiodąca	1	0.849
Term	51355	51246	- komplementarna	2	0.870
Init	56840	56606	- komplementarna	2	0.368

## Gen 2

Gn.Ex	Type	S	.Begin	...End	.Len	Fr	Ph	I/Ac	Do/T	CodRg	P....	Tscr...
1.01	Intr	+	1980	2116	137	1	2	78	48	59	0.185	1.19
1.02	Term	+	2827	3315	489	0	0	93	42	303	0.304	20.86
1.03	PlyA	+	5001	5006	6							1.05
2.00	Prom	+	14393	14432	40							-4.46
2.01	Init	+	17439	17665	227	2	2	60	105	153	0.398	10.69
2.02	Intr	+	30289	30373	85	1	1	62	73	25	0.002	-1.78
2.03	Intr	+	38134	38153	20	0	2	105	105	45	0.007	3.31
2.04	Intr	+	67150	67248	99	1	0	129	76	-12	0.034	0.93
2.05	Intr	+	71254	71442	189	1	0	105	80	100	0.275	9.60
2.06	Intr	+	74411	74468	58	2	1	133	65	50	0.388	6.09
2.07	Intr	+	74785	74893	109	0	1	66	115	-15	0.256	-1.14
2.08	Intr	+	80756	80916	161	0	2	-5	34	167	0.392	1.71
2.09	Intr	+	83127	83209	83	2	2	95	109	29	0.938	4.14
2.10	Intr	+	84384	84537	154	0	1	89	78	255	0.985	24.67
2.11	Term	+	86104	86121	18	0	0	100	48	23	0.537	-2.18
2.12	PlyA	+	86465	86470	6							1.05
3.06	PlyA	-	86623	86618	6							1.05
3.05	Term	-	93759	93695	65	1	2	58	46	76	0.820	-1.55
3.04	Intr	-	94003	93882	122	0	2	66	110	69	0.921	7.04
3.03	Intr	-	95191	95013	179	1	2	20	42	155	0.560	2.82
3.02	Intr	-	97559	97301	259	1	1	62	58	236	0.633	15.47
3.01	Init	-	98484	98468	17	0	2	68	88	2	0.335	-1.95
3.00	Prom	-	100586	100547	40							-2.46
4.00	Prom	+	100881	100920	40							-6.46
4.01	Init	+	101351	101737	387	1	0	60	72	196	0.747	12.01
4.02	Intr	+	108603	108737	135	2	0	57	95	117	0.446	10.06
4.03	Intr	+	112670	112726	57	1	0	104	100	2	0.795	2.08
4.04	Intr	+	114125	114249	125	1	2	55	107	155	0.983	13.48
4.05	Intr	+	115830	115968	139	0	1	81	88	180	0.935	17.77
4.06	Intr	+	131200	131461	262	0	1	54	6	366	0.005	22.06
4.07	Intr	+	132571	132623	53	2	2	103	97	-8	0.013	0.23
4.08	Intr	+	141619	141725	107	0	2	10	86	157	0.000	6.71
4.09	Intr	+	144098	144155	58	2	1	108	75	6	0.991	0.19
4.10	Term	+	144405	144530	126	2	0	78	50	116	0.977	5.08
4.11	PlyA	+	146631	146636	6							1.05

[illegible]

10.00	Prom +	301959	301998	40							-3.76
10.01	Init +	302859	302923	65	2	2	79	110	113	0.789	11.38
10.02	Intr +	306313	306406	94	1	1	35	86	58	0.082	0.27
10.03	Intr +	331167	331370	204	2	0	85	53	99	0.388	5.50
10.04	Term +	335668	335760	93	0	0	125	40	108	0.904	7.53
10.05	PlyA +	339535	339540	6							1.05
11.04	PlyA -	339831	339826	6							1.05
11.03	Term -	340093	339994	100	0	1	36	44	113	0.875	-0.70
11.02	Intr -	342253	342180	74	1	2	70	99	22	0.701	-0.30
11.01	Init -	342727	342578	150	1	0	50	110	71	0.563	5.54

## Eksony trzech różnych typów:

Typ	Start	Koniec	NiĆ	Ramka odczytu	Prwdpbd.
Intr	84384	84537	+wiodąca	0	0.985
Init	101351	101737	+wiodąca	1	0.747
Term	335668	335760	+wiodąca	0	0.904

2.

## Gen 1

Blast wykrył gen IRS1 w sekwencji pierwszego pliku.

Gen ten koduje białko podstawowe receptora insuliny. Funkcja genu IRS1 jest ściśle związana z regulacją sygnałów przekazywanych przez receptor insuliny.

## Gen 2

Tutaj Blast wyszukiwał bardzo długo i przez to został przekroczony limit.

**!** There was a problem with the search. Please, contact [Help Desk](#) and include RID RPMH6UEC013.  
Informational Message: [blastsrv4.REAL]: Error: Process size limit exceeded, resulting in SIGXFSZ (25).

Job Title	gene2
RID	<a href="#">RPMH6UEC013</a> Search expires on 12-16 02:06 am <a href="#">Download All</a> ▼
Program	<a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	nt <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_95783
Description	gene2
Molecule type	dna
Query Length	344438
Other reports	<a href="#">?</a>

**Filter Results**

<b>Percent Identity</b>	<b>E value</b>	<b>Query Coverage</b>
<input type="text"/> to <input type="text"/>	<input type="text"/> to <input type="text"/>	<input type="text"/> to <input type="text"/>
<a href="#">Filter</a>		<a href="#">Reset</a>

**!** No significant similarity found. For reasons why, [click here](#)

3.

## Gen 1

### Współrzędne eksonu

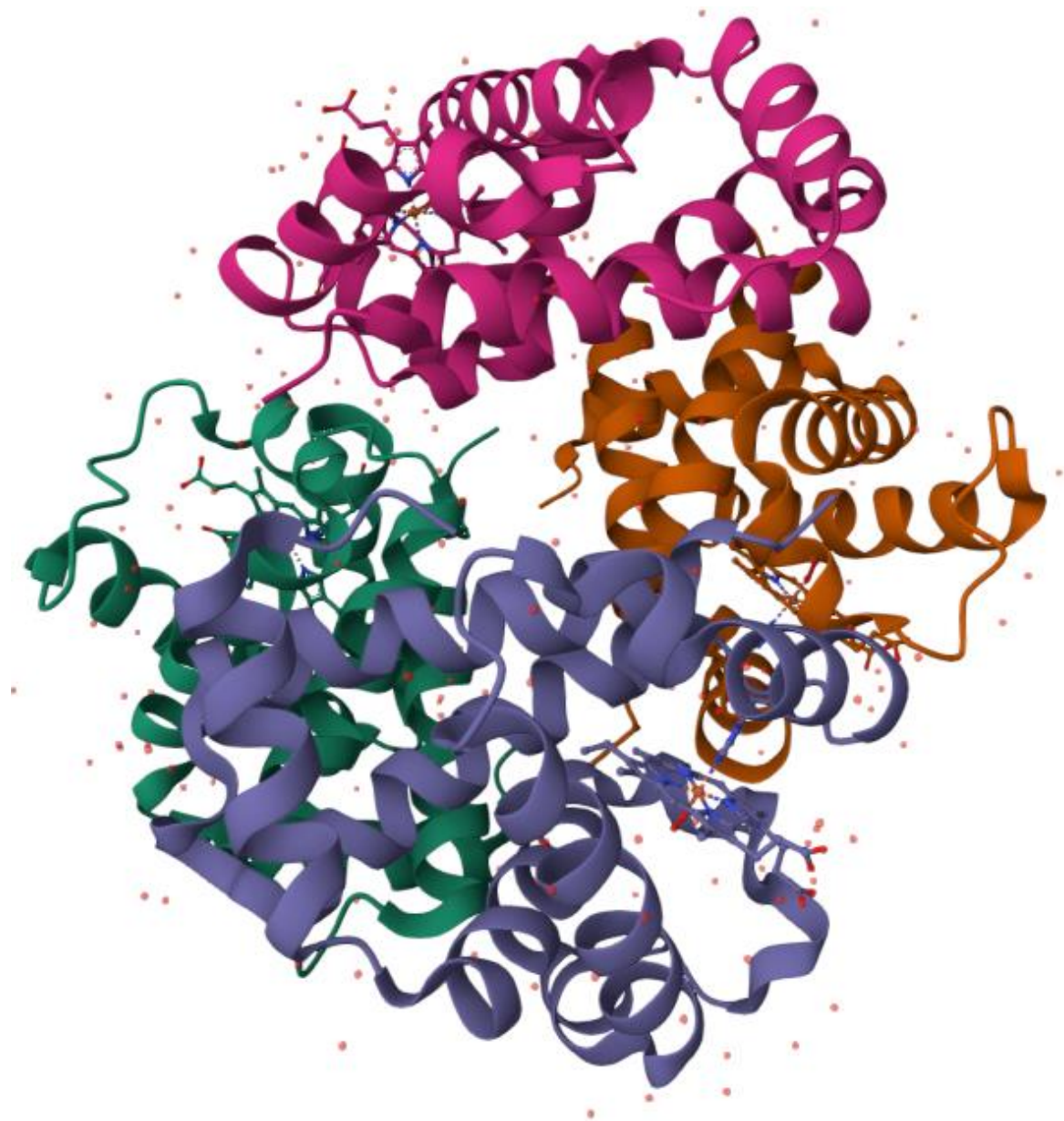
```
CDS
53..3781
/gene="IRS1"
/gene_synonym="HIRS-1"
/codon_start=1
/product="insulin receptor substrate 1"
/protein_id="NP_005535.1"
/db_xref="CCDS:CCDS2463.1"
/db_xref="GeneID:3667"
/db_xref="HGNC:HGNC:6125"
/db_xref="MIM:147545"
/translation="MASPPESDGFSDVRKVGYL RPKSMHKRFFVLRAASEAGGPARL
EYYENEKKWRHKSSAPKRSIPLESCFNINKRADSKNHLVALYTRDEHFAIAADSEAE
QDSWYQALLQLHNRAKGHHGAAALGAGGGGGSCSGSSGLGEAGEDLSYGDVPPGPAF
KEVWQVILKPKGLGQTKNLIGIYRLCLTSKTSISFVKLNSEAAAVVLQLMNIRRCGHSE
NFFFIEVGRSAVTGPGEFWMQVDDSVVAQNMHETILEAMRAMSDEFPRRSKSSSSNC
SNPISVPLRRHHLNPPPSQVGLTRRSRTESITATSPASIMVGGKPGSFRVRASSDGEG
TMSRPASVDGSPVSPSTNRTHAHRHRSARLHPLNHSRIPMPASRCSPSATSPVSL
SSSSTSGHGSTDCLFPRRSSASVSGSPSDGGFISSDEYGSSPCDFRSSFRSVTPDSL
GHTPPARGEELSNYICMGKGPSLTAPNGHYILSRGGNGHRCTPGTGLGTSPALAG
DEAASAADLNRFRKRTHSAGTSPTITHQKTPSQSSVASIEEYTEMMPAYPPGGGSGG
RLPGHRHSFVPTRSYPEEGLEMHPLERRGGHHRPDSSTLHTDDGYMPMSPGVAPVPS
GRKGSGDYMPMSPKSVSAPQQIINPIRRHPQRVDPNGYMMMSPSGGCSPDIGGGPSSS
SSSSNAVPSGTSYGKLWTNGVGGHSHVLPHPKPPVESSGGKLLPCTGDYMNMSPVGD
SNTSSPSDCYYGPEDPQHKPVLSYYSLPRSFKHTQRPGEPEEGARHQHLRLSTSSGRL
LYAATADSSSSSTSSSLGGGYCGARLEPSLPHPHHQLVQLPHLPRKVDTAQTNSRLA
RPTRLSLGDPKASTLPRAREQQQQQPLHPPEPKSPGEYVNIIEFGSDQSGYLSGPVA
FHSSPSVRCPSQLQPAPREEETGTEEYMKMDLGPGRRAAQESTGVEMGRLGPAPPGA
ASICRPTRAVPSSRGDYMTQMSCPRQSYVDTSPAAPVSYADMRTGIAAEEVSLPRAT
MAAASSSSAASAPTGPQGAAELAHSLLGGPQGPGGMSAFTRVNLSPNRNQSAKVI
RADPQGCRRRHSETFSSTPSATRVGNTVPFGAGAAVGGGGGSSSSSEDVKRHSSASF
ENVWLRPGELGGAPKEPAKLCGAAGGLENGLYIDLVLKDFKQCPQECTPEPQPPPP
PPPHQLGSGESSSTRSSSEDL SAYASISFQKQPEDRQ"
```

4.

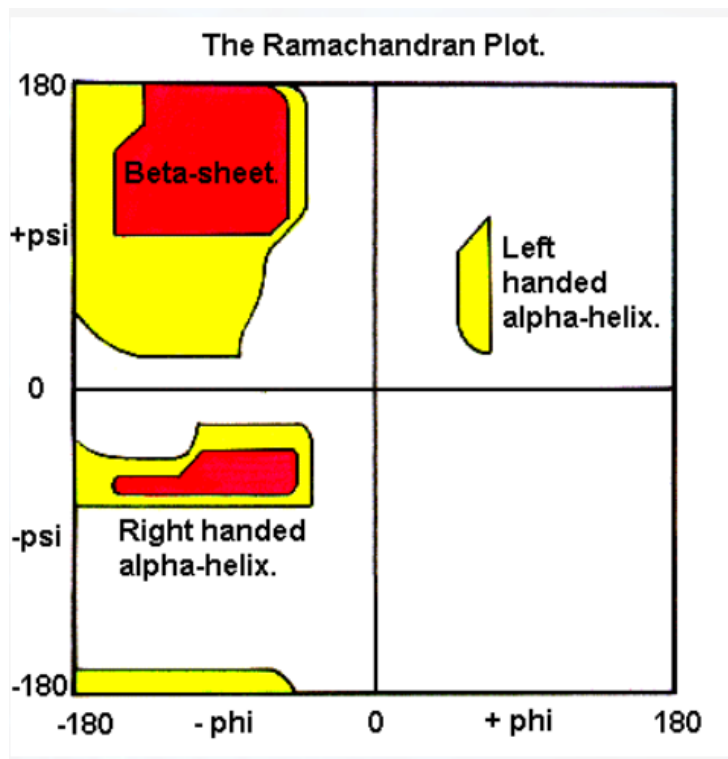
Tak, predykcja GENSCANA była prawidłowa, ponieważ prawdziwy ekson znajduje się na współrzędnych 53-3781, czyli dokładnie takich jak przewidywany ekson.

## Zadanie 2

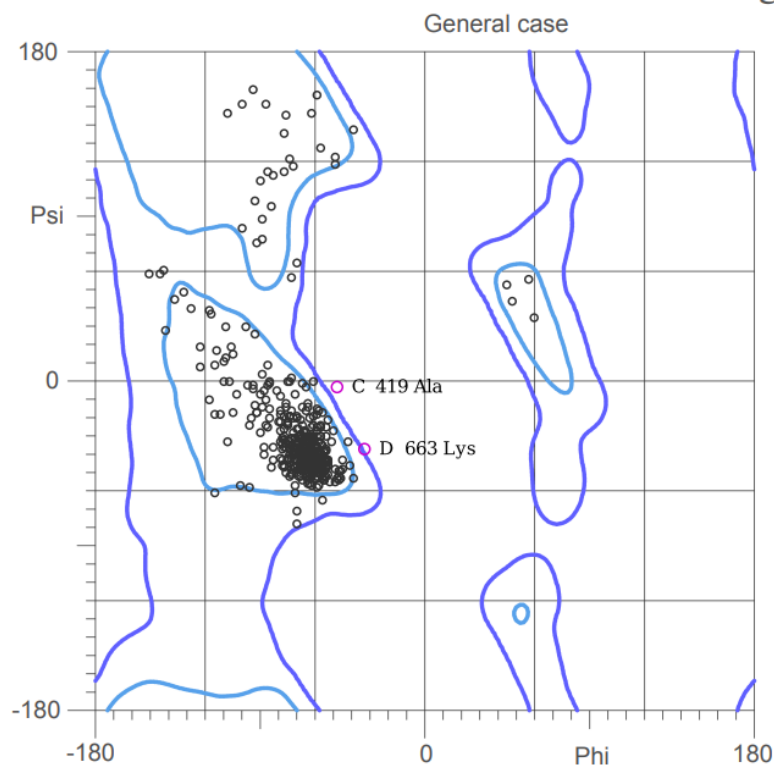
Myślę, że w tym białku występuje struktura drugorzędowa typu alfa-helisa.



Spodziewałbym się, że mapa Ramachandrana wyglądałaby tak, iż większość aminokwasów znajdowałaby się w którymś z dwóch okienek, tak jak na wykresie z wykładu.



Wykres:



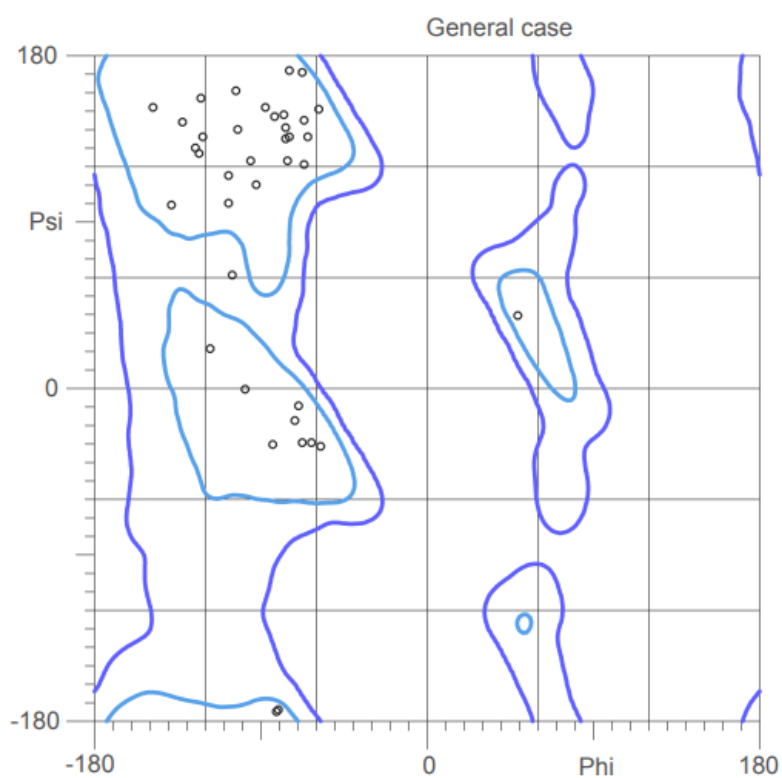


Zgodny z oczekiwaniami. Potwierdzający hipotezę struktury alfa-helisy.

Wybrałem białko Antistasin.



Wykres Ramachandrana:



Tym razem większość znajduje się w lewym górnym rogu, czyli w ćwiartce charakterystycznej dla struktury z arkuszami beta. Było to spodziewane, gdyż takie białko właśnie wybraliśmy.