

Последовательность 1

GENSCAN

Выходной файл:

```
Predicted genes/exons:

Gn.Ex Type S .Begin ...End .Len Fr Ph I/Ac Do/T CodRg P.... Tscr..
-----
1.01 Init + 339 1245 907 2 1 56 94 1222 0.871 114.47
1.02 Term + 2420 2694 275 0 2 67 45 327 0.988 22.95

Suboptimal exons with probability > 1.000

Exnum Type S .Begin ...End .Len Fr Ph B/Ac Do/T CodRg P.... Tscr..
-----

NO EXONS FOUND AT GIVEN PROBABILITY CUTOFF
```

```
Predicted peptide sequence(s):

>/tmp/05_12_20-04:10:46.fasta|GENSCAN_predicted_peptide_1|393_aa
MSCSESPAANSFLVDSLISGRGEAGGGGGGAGGGGGGYAHGGVYLPAAADLPYGLQS
CGLFPTLGGRNEAASPGSGGGGGLGPGAHGYGPSPIDLWLDAPRSCRMPPDGPPPPP
QQQPPPPPPPPQAPQATSCSFAQNIKEESSYCLYDSADKCPKVSATAAELAPFPRGPPP
DGCALGTSSGVPVPGYFRLSQAYGTAKGYSGGGGAQQLGAGPFPAQPPGRGFDLPPALA
SGSADAARKERALDSPPPPTLACSGSGGSQGDEEAHASSAAEELSPAPSESSKASPEKD
SLGNSKGENAANWLTAKSGRKKRCPYTKHQTLLEKEFLFNMYLTRERRLEISRSVHLTD
RQVKIWFQNRMRMKLKKMNRENRIRELTANFNFS
```

Q1: Два

Gn.Ex	Type	S	.Begin	...End	.Len	Fr	Ph	I/Ac	Do/T	CodRg	P....	Tscr..
1.01	Init	+	339	1245	907	2	1	56	94	1222	0.871	114.47
1.02	Term	+	2420	2694	275	0	2	67	45	327	0.988	22.95

Q2: 339 1245, 2420 2694 — 1 и 2 экзоны соответственно

Q3: 0.871, 0.988 — 1 и 2 экзоны соответственно

Q4: На +

Q5: MSCSES. Длина: 393

HMMgene

Выходной файл:

```
# SEQ: gi_2789671_gb_AF040714.1_AF040714 2691 (+) A:534 C:856 G:834 T:467
gi_2789671_gb_AF040714.1_AF040714 HMMgene1.le firstex 320 1226 0.744 + 1 bestparse:cds_1
gi_2789671_gb_AF040714.1_AF040714 HMMgene1.le lastex 2401 2675 0.971 + 0 bestparse:cds_1
gi_2789671_gb_AF040714.1_AF040714 HMMgene1.le CDS 320 2675 0.721 + . bestparse:cds_1
# SEQ: gi_2789671_gb_AF040714.1_AF040714 2691 (-) A:467 C:834 G:856 T:534
```

Q6: Два

Q7: 320 1226, 2401 2675 — 1 и 2 экзоны соответственно

Q8: 0.774, 0.971 — 1 и 2 экзоны соответственно

Q9: На +

Q10: Границы похожи, но точно не совпадают

NetGene2

Выходной файл:

The sequence: gi_2789671_gb_AF040714.1_AF040714 has the following composition:

Length: 2691 nucleotides.

19.8% A, 31.8% C, 31.0% G, 17.4% T, 0.0% X, 62.8% G+C

Donor splice sites, direct strand

pos	5'→3'	phase	strand	confidence	5'	exon	intron	3'
1227		1	+	0.95	GATTC	CCCTGGG	^GTAAGCAGGG	H
1977		1	+	0.34	GGGCC	CTGGG	^GTGAGACAGC	
2011		2	+	0.63	CATCT	TCCAA	^GTAAGCACCC	
2161		0	+	0.30	GCTAA	AACAG	^GTGTTTGGA	

Q11: Сайт для сплайсинга доноров ожидается в интервале 1200-1250, так как экзоны будут расположены где-то в интервалах 320-1200, 2400-2700

Q12: Предсказывает на позиции 1227. Показатель достоверности 95%

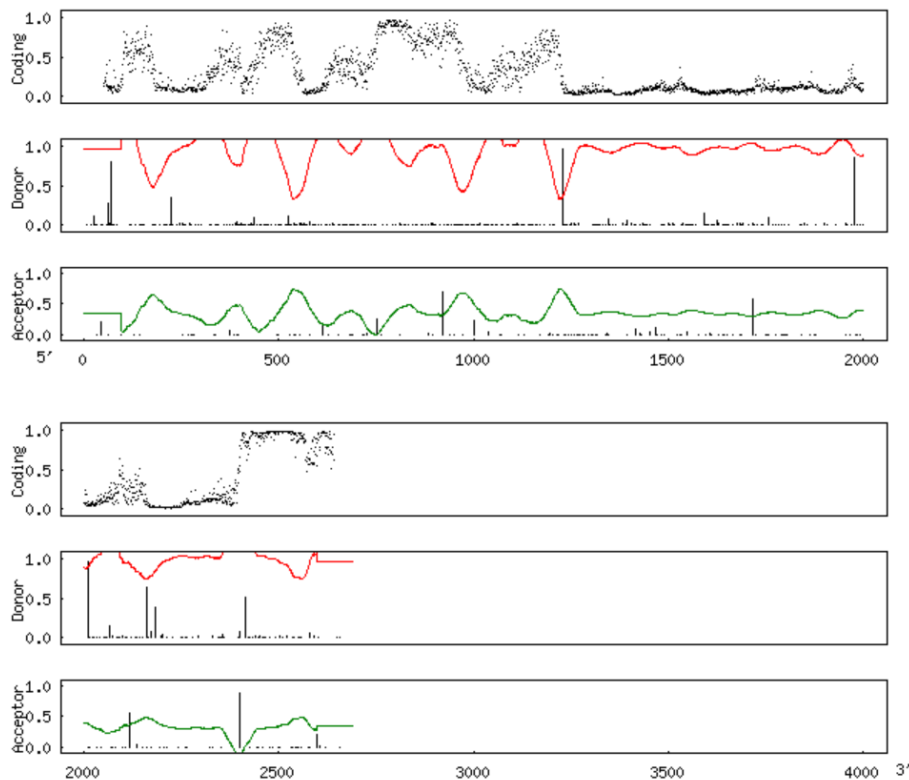
Q13: TGG^GTA

Q14: Сайт для сплайсинга акцептора ожидается в интервале 2400-2700, так как экзоны будут расположены где-то в интервалах 320-1200, 2400-2700

Q15: Предсказывает на позиции 2400. Показатель достоверности 100%

Q16: CAG^GCA

Панель «Кодирование» «Прямой Strand Graphics»



Q17: С высоко на низкий

Q18: С низкого на высокий

Q19: Вообще низкий

Последовательность 2

GENSCAN

Выходной файл:

Predicted genes/exons:

Gn.Ex	Type	S	.Begin	...End	.Len	Fr	Ph	I/Ac	Do/T	CodRg	P....	Tscr..
1.01	Term	+	1290	2899	1610	1	2	102	36	810	0.800	67.44
1.02	PlyA	+	3086	3091	6							-0.45

Suboptimal exons with probability > 1.000

Exnum	Type	S	.Begin	...End	.Len	Fr	Ph	B/Ac	Do/T	CodRg	P....	Tscr..
-------	------	---	--------	--------	------	----	----	------	------	-------	-------	--------

NO EXONS FOUND AT GIVEN PROBABILITY CUTOFF

Predicted peptide sequence(s):

```
>/tmp/05_12_20-04:04:41.fasta|GENSCAN_predicted_peptide_1|536_aa
XDPALSSPGAQQQLHQDEAQVVVELTANDKPSLSWECPPGPGCLQNTGNSCYLNAALQCL
THTPPLADYMLSQEYSQTCCSPEGCKMCAMEAHVTQSLHSHSGDVMKPSQILTSAFHKH
QQEDAHEFLMFTLETMHESCLQVHRQSEPTSEDSSPIHDI FGGLWRSQIKCLHCQGTSDT
YDRFLDVPLDISSAQSVNQALWDEKSEELRGENAYYCGRCRQKMPASKTLHIHSAPKVL
LLVLKRFSAFMGKNLDRKVSYPEFLDLKPYLSQPTGGPLPYALYAVLVHEGATCHSGHYF
SYVKARHGAWYKMDTKVTSCDVTSVLNENAYVLFYVQQTDLKQVSI DMPEGRVHEVLDP
EYQLKKSRRKKHKKKSPCTEDAGEPCKNREKRATKETSLGEGKVXQEKNHKKAGQKHENT
KLVPQEQNHQKLGQKHRINEILPQEQNHQKAGQSLRNTEGELDLPADAIVIHLLRSTENW
GRDAPDKENQFWHNADRLITSQDPVNTGQLCRQEGRRRSKKGKNKNKQGQRLLLVC
```

Q1: Два

Gn.Ex	Type	S	.Begin	...End	.Len	Fr	Ph	I/Ac	Do/T	CodRg	P....	Tscr..
1.01	Term	+	1290	2899	1610	1	2	102	36	810	0.800	67.44
1.02	PlyA	+	3086	3091	6							-0.45

Q2: 1290 2899, 3086 3091 — 1 и 2 экзоны соответственно

Q3: 0.8 — 1 экзон. Для второго не определена

Q4: На +

Q5: XDPALS. Длина: 536

HMMgene

Выходной файл:

```
# SEQ: gi_2739430_gb_U70368.1_MMU70368 3259 (+) A:865 C:754 G:818 T:820
gi_2739430_gb_U70368.1_MMU70368 HMMgene1.1e firstex 398 425 0.418 + 1 bestparse:cds_1
gi_2739430_gb_U70368.1_MMU70368 HMMgene1.1e lastex 1208 2817 0.735 + 0 bestparse:cds_1
gi_2739430_gb_U70368.1_MMU70368 HMMgene1.1e CDS 398 2817 .307 + . bestparse:cds_1
# SEQ: gi_2739430_gb_U70368.1_MMU70368 3259 (-) A:820 C:818 G:754 T:865
```

Q6: Два

Q7: 398 425, 1208 2817 — 1 и 2 экзоны соответственно

Q8: 0.418, 0.735 — 1 и 2 экзоны соответственно

Q9: На +

Q10: Границы второго экзона из GENSCAN и границы первого экзона из HMMgene примерно совпадают, остальные же — разные

NetGene2

Выходной файл:

The sequence: gi_2739430_gb_U70368.1_MMU70368 has the following composition:

Length: 3257 nucleotides.
26.6% A, 23.2% C, 25.1% G, 25.2% T, 0.0% X, 48.3% G+C

Donor splice sites, direct strand

pos	5'→3'	phase	strand	confidence	5'	exon	intron	3'
53	1	+	0.00	GGTTAGCAAG	GTAACAGAAA			
426	1	+	0.87	TTCCCAAGAG	GTAAGTCTCA			
764	0	+	0.53	ATCTCTCAGG	GTAAGAGTTT			
802	1	+	0.62	AGGGGTGTGG	GTGAGTGTGC			
853	0	+	0.34	TAACATATTG	GTGGGTGTTC			
1034	1	+	0.37	TGGGTTTTAT	GTGAGTGTTC			
1152	0	+	0.41	GAGTCTGAAG	GTAAGAAATTT			
1263	2	+	0.74	TGAAGCTCAG	GTAGTGGTGG			
1861	1	+	0.71	TACTACTGTG	GTAGGTGTAG			
1980	0	+	0.71	GGACAGAAAA	GTAAGCTACC			
2077	1	+	0.76	GTCCATGAAG	GTGCGACTTG			
2238	0	+	0.60	CCTCAACAG	GTCAGTATTG			
2583	1	+	0.39	AACACGGAAG	GTGAACCTGA			

Q11: Результаты больше совпадают с результатами HMMgene.

Сайт для сплайсинга доноров ожидается в районе 425

Q12: Предсказывает на позиции 426. Показатель достоверности 87%

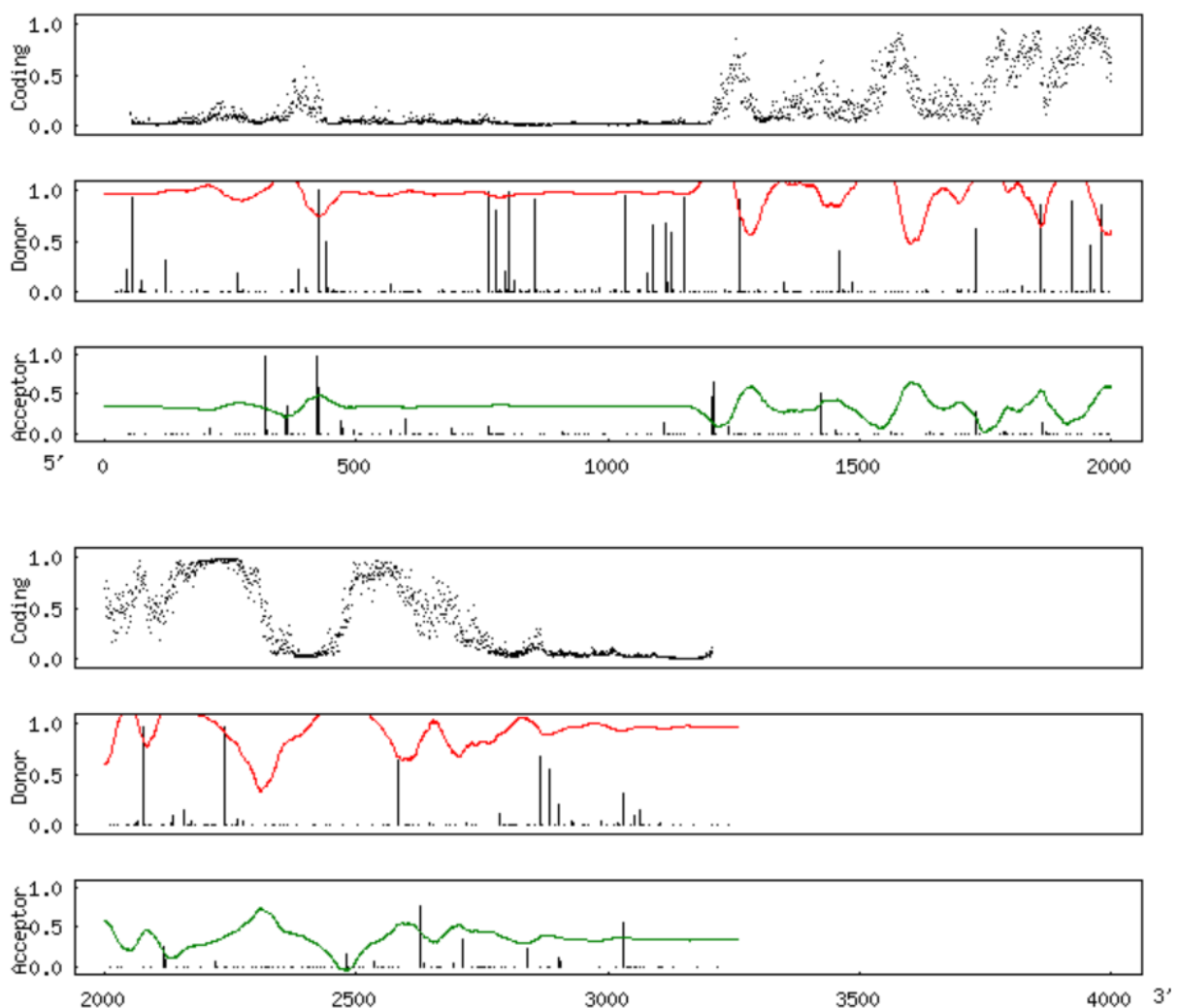
Q13: AAG^GTA

Q14: В районе 1200

Q15: Предсказывает на позиции 1209. Показатель достоверности 72%

Q16: CAG^ATC

Панель «Кодирование» «Прямой Strand Graphics»



Q17: С высокого на низкий

Q18: С низкого на высокий

Q19: Вообще низкий