

## Task1

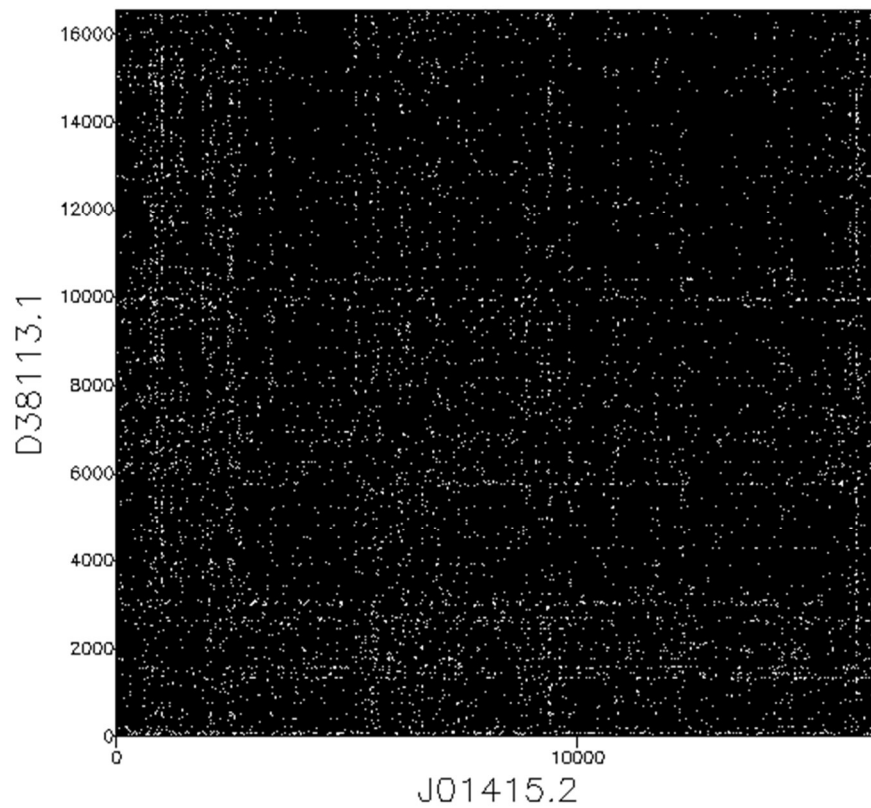
J01415.2 - accession number

## Task2

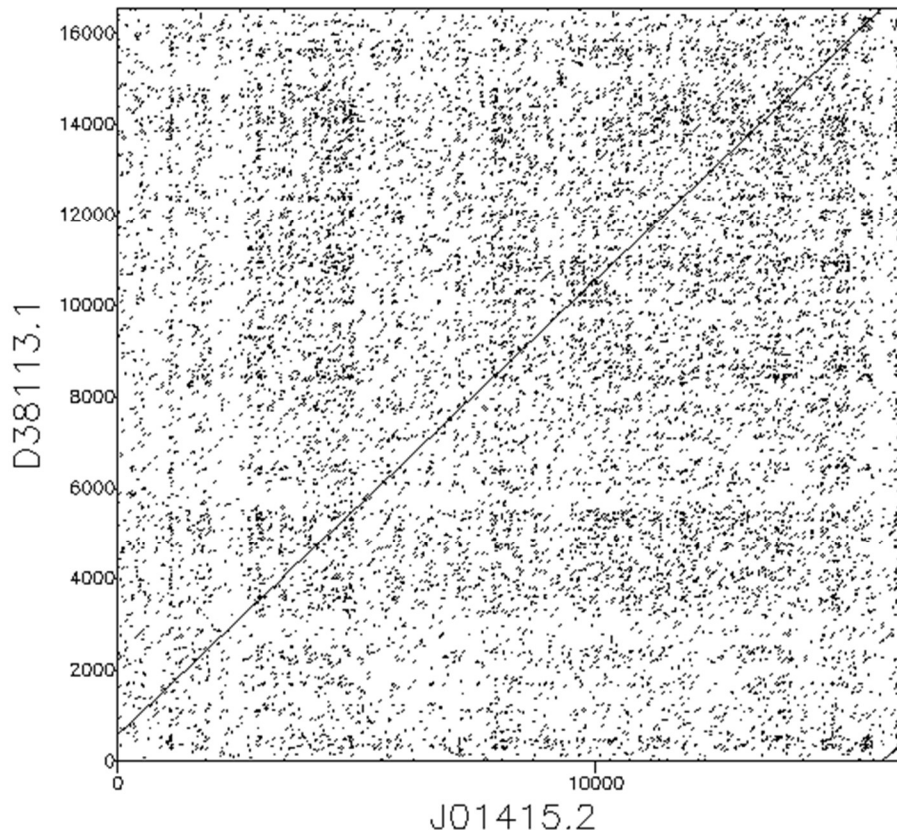
D38113.1 - accession number

## Task3

Dotmatcher: fasta::/var/lib/emboss-explorer/output/64215...  
(windowsize = 10, threshold = 23.00 13/04/23)



Dotmatcher: fasta::/var/lib/emboss-explorer/output/95511..  
(windowsize = 20, threshold = 40.00 13/04/23)



#### Task4

Na wykresie jest widoczna prosta linia, co oznacza że pozycja w jednej sekwencji ma identyczną pozycję w drugiej sekwencji. Może to pokazywać na wspólne pochodzenie lub ewolucję.

#### Task5

1. Brak informacji. Mamy tylko wykres podobieństwa pomiędzy dwoma sekwencjami, bez znaczenia.
2. Nie uwzględnia sekwencji niekodujących. Prowadzi analizę tylko między sekwencjami kodującymi (genami).
3. Zależność od podanych parametrów. Wybór odpowiednich parametrów, może mieć wpływ na wynik.

#### Task6

- "threshold" - wartość progowa, która jest stosowana do analizy prawdopodobieństwa pomiędzy dwoma podanymi sekwencjami.

- "Window size over which to test threshold" - rozmiar okna w którym testujemy wartość "threshold". Określa jaka duża część jest uwzględniana w pojedynczym teście progowym. Czym wyżej, tym łatwiej do analizy wykres.

## Task7

Marker: rs333

Oznaczenie: Odporność na HIV

Gen receptora chemokin CCR5 odgrywa ważną rolę w wielu procesach związanych z odpornością. Delta 32 rs333, oznaczająca delecję CCR5-delta32 32 nukleotydów z genu, jest prawdopodobnie najbardziej znanym allelem CCR5. 23andMe testuje to pod swoim prywatnym identyfikatorem/nazwą, I3003626. Osoby posiadające jedną kopię allelu delta 32 są w pewnym stopniu odporne na zakażenie wirusem HIV, który powoduje AIDS, a osoby z 2 kopiami (homozygoty delta 32, ~ 1% rasy kaukaskiej) są prawie całkowicie odporne na zakażenie wirusem HIV. [PMID 8898752] Allel delta 32 mógł zostać wyselekcjonowany w populacjach europejskich, ponieważ nadaje odporność na dżumę (czarną śmierć) lub ospę.

## Task8

>3 dna:chromosome chromosome:GRCh38:3:46373053:46373887:1

```
GTCATCCTCATCCTGATAAACTGCAAAAGGCTGAAGAGCATGACTGACATCTACCTGCTCAACCTGGCCATCTCTG
ACCTGTTTTCTTCTTACTGTCCCCTTCTGGGCTCACTATGCTGCCGCCAGTGGGACTTTGGAAATACAATGTGTC
AACTCTTGACAGGGCTCTATTTTATAGGCTTCTTCTCTGGAATCTTCTTCATCATCCTCCTGACAATCGATAGGTACC
TGGCTGTCGTCCATGCTGTGTTTGCTTTAAAGCCAGGACGGTCACCTTTGGGGTGGTGACAAGTGTGATCACTTG
GGTGGTGGCTGTGTTTGCCTCTCTCCAGGAATCATCTTTACCAGATCTCAAAAAGAAGGTCTTCATTACACCTGCA
GCTCTCATTTTCCATACAGTCAGTATCAATTCTGGAAGAATTTCCAGACATTAAAGATAGTCATCTTGGGGCTGGTC
CTGCCGCTGCTTGTCATGGTCATCTGCTACTCGGGAATCCTAAAACTCTGCTTCGGTGTCGAAATGAGAAGAAGA
GGCACAGGGCTGTGAGGCTTATCTTCACCATCATGATTGTTTATTTTCTTCTGGGCTCCCTACAACATTGTCCTTC
TCCTGAACACCTTCCAGGAATTCTTTGGCCTGAATAATTGCAGTAGCTCTAACAGGTTGGACCAAGCTATGCAGGT
GACAGAGACTCTTGGGATGACGCACTGCTGCATCAACCCATCATCTATGCCTTTGTCGGGGGAGAAGTTCAGAAAC
TACCTCTTAGTCTTCTTCCAAAAGCACATTGCCAAACGCTTCTGCAAATGCTGTTCTATTTTCCAGC
```

## Task9

Chlorocebus pygerythrus CCR5 gene, complete cds: KU382465.1 - accession number

## Task10

>KU382465.1 Chlorocebus pygerythrus CCR5 gene, complete cds

```
ATGGATTATCAAGTGTCAAGTCCAACCTATGACATCAATTATTATACATCGGAGCCCTGCCAAAAATCAACGTGA
AGCAAATTGCAGCCCGCCTCCTGCCTCCGCTCTACTCACTGGTGTTTCATCTTTGGTTTTGTGGGCAACATACTGGTC
GTCCTCATCCTGATAAACTGCAAAAGGCTGAAAAGCATGACTGACATCTACCTGCTCAACCTGGCCATCTCTGACCT
GCTTTTCTTCTTACTGTCCCCTTCTGGGCTCACTATGCTGCTGCCAGTGGGACTTTGGAAATACAATGTGTCAACT
CTTGACAGGGCTCTATTTTATAGGCTTCTTCTCTGGAATCTTCTTCATCATCCTCCTGACAATCGATAGGTACCTGGC
TATCGTCCATGCTGTGTTTGCTTTAAAGCCAGGACAGTCACCTTTGGGGTGGTGACAAGTGTGATCACTTGGGTG
GTGGCTGTGTTTGCCTCTCTCCCAAGAATCATCTTTACCAGATCTCAGAGAGAAGGTCTTCATTACACCTGCAGCTC
```

TCATTTTCCATACAGTCAGTATCAATTCTGGAAGAATTTCCAGACATTAAGATAGTCATCTTGGGGCTGGTCCTGC  
CGCTGCTTGTTCATGGTCATCTGCTACTCGGGAATCCTGAAACTCTGCTTCGGTGTGAAACGAGAAGAAGAGGC  
ACAGGGCTGTGAGGCTCATCTTCACCATCATGATTGTTATTTTCTTCTTGGGCTCCCTACAACATTGTCCTTCTCC  
TGAACACCTTCCAGGAATTCTTTGGCCTGAATAATTGCAGTAGCTCTAACAGGTTGGACCAAGCCATGCAGGTGAC  
AGAGACTCTTGGGATGACACACTGCTGCATCAACCCCATCATCTATGCCTTCGTCGGGGAGAAGTTCAGAACTAC  
CTCTTAGTCTTCTTCCAAAAGCACATTGCCAAACGCTTCTGCAAATGCTGTTCCATTTTCCAGCAAGAGGCTCCCGA  
GCGAGCAAGTTCAGTTTACACCCGATCCACTGGGGAGCAGGAAACATCTGTGGGCTTGTGA

## Task11

```
#####  
# Program: needle  
# Rundate: Thu 25 May 2023 22:21:05  
# Commandline: needle  
# -auto  
# -stdout  
# -asequence emboss_needle-I20230525-222103-0642-58210278-plm.asequence  
# -bsequence emboss_needle-I20230525-222103-0642-58210278-plm.bsequence  
# -datafile EDNAFULL  
# -gapopen 10.0  
# -gapextend 0.5  
# -endopen 10.0  
# -endextend 0.5  
# -aformat3 pair  
# -snucleotide1  
# -snucleotide2  
# Align_format: pair  
# Report_file: stdout  
#####  
  
#=====  
#  
# Aligned_sequences: 2  
# 1: EMBOSS_001  
# 2: EMBOSS_001  
# Matrix: EDNAFULL  
# Gap_penalty: 10.0  
# Extend_penalty: 0.5  
#  
# Length: 1059  
# Identity:      818/1059 (77.2%)  
# Similarity:    818/1059 (77.2%)  
# Gaps:          224/1059 (21.2%)  
# Score: 4022.0  
#  
#  
#=====  
  
EMBOSS_001      1  ----- 0  
EMBOSS_001      1  ATGGATTATCAAGTGTCAGTCCAACCTATGACATCAATTATTATACATC 50  
EMBOSS_001      1  ----- 0  
EMBOSS_001     51  GGAGCCCTGCCAAAAAATCAACGTGAAGCAAATTGCAGCCCGCCTCCTGC 100  
EMBOSS_001      1  ----- 0  
EMBOSS_001    101  CTCCGCTCTACTCACTGGTGTTCATCTTTGGTTTGTGGGCAACATACTG 150
```

EMBOSS_001	1	GTCATCCTCATCCTGATAAACTGCAAAAGGCTGAAGAGCATGACTGACAT	50
		.                             .	
EMBOSS_001	151	GTCGTCCTCATCCTGATAAACTGCAAAAGGCTGAAAAGCATGACTGACAT	200
EMBOSS_001	51	CTACCTGCTCAACCTGGCCATCTCTGACCTGTTTTCTTCTTACTGTCC	100
		.	
EMBOSS_001	201	CTACCTGCTCAACCTGGCCATCTCTGACCTGCTTTCTTCTTACTGTCC	250
EMBOSS_001	101	CCTTCTGGGCTCACTATGCTGCCGCCAGTGGGACTTTGGAAATACAATG	150
		.	
EMBOSS_001	251	CCTTCTGGGCTCACTATGCTGCTGCCAGTGGGACTTTGGAAATACAATG	300
EMBOSS_001	151	TGTCAACTCTTGACAGGGCTCTATTTTATAGGCTTCTTCTCTGGAATCTT	200
EMBOSS_001	301	TGTCAACTCTTGACAGGGCTCTATTTTATAGGCTTCTTCTCTGGAATCTT	350
EMBOSS_001	201	CTTCATCATCCTCCTGACAATCGATAGGTACCTGGCTGTCGTCATGCTG	250
		.	
EMBOSS_001	351	CTTCATCATCCTCCTGACAATCGATAGGTACCTGGCTATCGTCCATGCTG	400
EMBOSS_001	251	TGTTTGCTTTAAAAGCCAGGACGGTCACCTTTGGGGTGGTGACAAGTGTG	300
		.	
EMBOSS_001	401	TGTTTGCTTTAAAAGCCAGGACAGTCACCTTTGGGGTGGTGACAAGTGTG	450
EMBOSS_001	301	ATCACTTGGGTGGTGGCTGTGTTTGCCTCTCTCCCAAGAATCATCTTTAC	350
		.       .	
EMBOSS_001	451	ATCACTTGGGTGGTGGCTGTGTTTGCCTCTCTCCCAAGAATCATCTTTAC	500
EMBOSS_001	351	CAGATCTCAAAAAGAAGGTCTTCATTACACCTGCAGCTCTCATTTTCCAT	400
		. .	
EMBOSS_001	501	CAGATCTCAGAGAGAAGGTCTTCATTACACCTGCAGCTCTCATTTTCCAT	550
EMBOSS_001	401	ACAGTCAGTATCAATTCTGGAAGAATTTCCAGACATTAAAGATAGTCATC	450
EMBOSS_001	551	ACAGTCAGTATCAATTCTGGAAGAATTTCCAGACATTAAAGATAGTCATC	600
EMBOSS_001	451	TTGGGGCTGGTCCTGCCGCTGCTTGTCATGGTCATCTGCTACTCGGGAAT	500
EMBOSS_001	601	TTGGGGCTGGTCCTGCCGCTGCTTGTCATGGTCATCTGCTACTCGGGAAT	650
EMBOSS_001	501	CCTAAAACTCTGCTTCGGTGTGCGAAATGAGAAGAAGAGGCACAGGGCTG	550
		.             .	
EMBOSS_001	651	CCTGAAAACTCTGCTTCGGTGTGCGAAACGAGAAGAAGAGGCACAGGGCTG	700
EMBOSS_001	551	TGAGGCTTATCTTACCATCATGATTGTTTATTTCTCTTCTGGGCTCCC	600
		.	
EMBOSS_001	701	TGAGGCTCATCTTACCATCATGATTGTTTATTTCTCTTCTGGGCTCCC	750
EMBOSS_001	601	TACAACATTGTCCTTCTCCTGAACACCTTCCAGGAATTCTTTGGCCTGAA	650
EMBOSS_001	751	TACAACATTGTCCTTCTCCTGAACACCTTCCAGGAATTCTTTGGCCTGAA	800
EMBOSS_001	651	TAATTGCAGTAGCTCTAACAGGTTGGACCAAGCTATGCAGGTGACAGAGA	700
		.	
EMBOSS_001	801	TAATTGCAGTAGCTCTAACAGGTTGGACCAAGCCATGCAGGTGACAGAGA	850
EMBOSS_001	701	CTCTTGGGATGACGCACTGCTGCATCAACCCCATCATCTATGCCTTTGTC	750
		.	
EMBOSS_001	851	CTCTTGGGATGACACACTGCTGCATCAACCCCATCATCTATGCCTTCGTC	900
EMBOSS_001	751	GGGGAGAAGTTCAGAAACTACCTCTTAGTCTTCTTCCAAAAGCACATTGC	800
EMBOSS_001	901	GGGGAGAAGTTCAGAAACTACCTCTTAGTCTTCTTCCAAAAGCACATTGC	950

```

EMBOSS_001      801 CAAACGCTTCTGCAAATGCTGTTCTATTTTCCAGC----- 835
                  |||
EMBOSS_001      951 CAAACGCTTCTGCAAATGCTGTTCCATTTTCCAGCAAGAGGCTCCCGAGC 1000
EMBOSS_001      836 ----- 835
EMBOSS_001     1001 GAGCAAGTTCAGTTTACACCCGATCCACTGGGGAGCAGGAAACATCTGTG 1050
EMBOSS_001      836 ----- 835
EMBOSS_001     1051 GGCTTGTTGA 1059

```

```

#-----
#-----

```

## Task12

```

##### # Program: needle # Rundate: Sun 21 May 2023
19:32:36 # Commandline: needle # -auto # -stdout # -asequence emboss_needle-I20230521-194446-
0624-22337215-p2m.asequence # -bsequence emboss_needle-I20230521-194446-0624-22337215-
p2m.bsequence # -gapopen 10.0 # -gapextend 0.5 # -endopen 10.0 # -endextend 0.5 # -aformat3 pair # -
sprotein1 # -sprotein2 # Align_format: pair # Report_file: stdout
##### #===== # #
Aligned_sequences: 2 # 1: 3 # 2: KU382465.1 # Matrix: EBLOSUM62 # Gap_penalty: 10.0 #
Extend_penalty: 0.5 # # Length: 835 # Identity: 818/835 (98.0%) # Similarity: 818/835 (98.0%) # Gaps:
0/835 ( 0.0%) # Score: 4916.0 # #===== 3 1
GTCATCCTCATCCTGATAAACTGCAAAAGGCTGAAGAGCATGACTGACAT 50
|||.||||| KU382465.1 1
GTCGTCCTCATCCTGATAAACTGCAAAAGGCTGAAAAGCATGACTGACAT 50 3 51
CTACCTGCTCAACCTGGCCATCTCTGACCTGTTTTCTTCTTACTGTCC 100
||||| KU382465.1 51
CTACCTGCTCAACCTGGCCATCTCTGACCTGCTTTCTTCTTACTGTCC 100 3 101
CCTTCTGGGCTCACTATGCTGCCGCCAGTGGGACTTTGGAAATACAATG 150
||||| KU382465.1 101
CCTTCTGGGCTCACTATGCTGCTGCCAGTGGGACTTTGGAAATACAATG 150 3 151
TGTCAACTCTTGACAGGGCTCTATTTTATAGGCTTCTTCTCTGGAATCTT 200
||||| KU382465.1 151
TGTCAACTCTTGACAGGGCTCTATTTTATAGGCTTCTTCTCTGGAATCTT 200 3 201
CTTCATCATCCTCCTGACAATCGATAGGTACCTGGCTGTCGTCCATGCTG 250
||||| KU382465.1 201
CTTCATCATCCTCCTGACAATCGATAGGTACCTGGCTATCGTCCATGCTG 250 3 251
TGTTTGCTTTAAAGCCAGGACGGTCACCTTTGGGGTGGTGACAAGTGTG 300
||||| KU382465.1 251
TGTTTGCTTTAAAGCCAGGACAGTCACCTTTGGGGTGGTGACAAGTGTG 300 3 301
ATCACTGGGTGGTGGCTGTGTTTGCCTCTCTCCAGGAATCATCTTTAC 350
||||| KU382465.1 301
ATCACTGGGTGGTGGCTGTGTTTGCCTCTCTCCAGGAATCATCTTTAC 350 3 351

```

```

CAGATCTCAAAAAGAAGGTCTTCATTACACCTGCAGCTCTCATTTTCCAT 400
|||||||.||||||||||||||||||||||||||||||||||| KU382465.1 351
CAGATCTCAGAGAGAAGGTCTTCATTACACCTGCAGCTCTCATTTTCCAT 400 3 401
ACAGTCAGTATCAATTCTGGAAGAATTTCCAGACATTAAAGATAGTCATC 450
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| KU382465.1 401
ACAGTCAGTATCAATTCTGGAAGAATTTCCAGACATTAAAGATAGTCATC 450 3 451
TTGGGGCTGGTCCTGCCGCTGCTTGTCATGGTCATCTGCTACTCGGGAAT 500
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| KU382465.1 451
TTGGGGCTGGTCCTGCCGCTGCTTGTCATGGTCATCTGCTACTCGGGAAT 500 3 501
CCTAAAACTCTGCTTCGGTGTCGAAATGAGAAGAAGAGGCACAGGGCTG 550
|||.|||||||||||||||||||.||||||||||||||||| KU382465.1 501
CCTGAAAACCTCTGCTTCGGTGTCGAAACGAGAAGAAGAGGCACAGGGCTG 550 3 551
TGAGGCTTATCTTCACCATCATGATTGTTTATTTCTCTTCTGGGCTCCC 600
|||||||.||||||||||||||||||||||||||||||||||| KU382465.1 551
TGAGGCTCATCTTCACCATCATGATTGTTTATTTCTCTTCTGGGCTCCC 600 3 601
TACAACATTGTCCTTCTCCTGAACACCTCCAGGAATTCTTTGGCCTGAA 650
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| KU382465.1 601
TACAACATTGTCCTTCTCCTGAACACCTCCAGGAATTCTTTGGCCTGAA 650 3 651
TAATTGCAGTAGCTCTAACAGGTTGGACCAAGCTATGCAGGTGACAGAGA 700
|||||||||||||||||||||||.||||||||||||||| KU382465.1 651
TAATTGCAGTAGCTCTAACAGGTTGGACCAAGCCATGCAGGTGACAGAGA 700 3 701
CTCTTGGGATGACGCACTGCTGCATCAACCCCATCATCTATGCCTTTGTC 750
|||||||||||.|||||||||||||||||||||||.||| KU382465.1 701
CTCTTGGGATGACACACTGCTGCATCAACCCCATCATCTATGCCTTCGTC 750 3 751
GGGGAGAAGTTCAGAACTACCTCTTAGTCTTCTTCCAAAAGCACATTGC 800
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| KU382465.1 751
GGGGAGAAGTTCAGAACTACCTCTTAGTCTTCTTCCAAAAGCACATTGC 800 3 801
CAAACGCTTCTGCAAATGCTGTTCTATTTCCAGC 835 |||||||||||||||||.||||||| KU382465.1
801 CAAACGCTTCTGCAAATGCTGTTCCATTTCCAGC 835 #-----#-----
-----

```

## Task13

W drugim przypadku procent prawdopodobieństwa jest wyższy, ponieważ usunęliśmy fragmenty z sekwencji które nie mieli odpowiednika. Oznacza to że teraz sekwencje są bardzo podobne i mają mniej różnic w porównaniu do pierwszej analizy.

## Task14

Match: CAGCA

||||

CAGCA

Mismatch: TAGC

....

ACAT  
Gap: TGGAGAATA  
-----

### Task15

Duże litery "N", "M" i inne, jest oznaczeniami symboli specjanie używanych w kontekście sekwencji DNA iun RNA. "N": oznacza niezidentyfikowany nukleotyd. Używamy w sytuacji, gdy w danej pozycji sekwencji nie jest znana konkretna zasada azotowa. "M": oznacza że w danej pozycji sekwencji może występować adenina (A) lub cytozyna (C).

### Task16

Lysinibacillus sphaericus, Lysinibacillus fusiformis: gatunek bakterii.

### Task17

Lysinibacillus sphaericus zostało odkryte po raz pierwszy w 1965 r., a dalsze badania wykazały, że głównym celem tej bakterii są komary. Lysinibacillus fusiformis został początkowo wyizolowany z powierzchni beta vulgaris przez niemieckiego biologa dr O. Gottheila w 1901 roku.

### Task18

Ribosomal RNA gene

### Task19

Z próbki gleby (BG2-10)

### Task20

TGC-AGTCGAGCGAACAGAGAAGGAGCTTGCTCCTTCGACGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTG  
GGCAACCTACCTTATAGTTTGGGATAACTCCGGGAAACCGGGGCTAATACC

### Task21

Jeśli w miejscu kropki znajduję się nukleotyd, oznacza to że w danym miejscu występuje nukleotyd tymczasowy. "." - niedopasowania (mismatch) "-" - przerwy (gap)



## Task22

Query	1	TGC-AGTCGAGCGAACAGAGAAGGAGCTTGCTCCTCGACGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTACCTTATAGTTGGGATAACTCCGGGAAACCGGGCTAATACC	119
NR_112628.1	29	...A.....	148
NR_042072.1	39	...A.....	158
NR_112569.1	29	...A.....	148
NR_118146.1	19	...T.....C.....	137
NR_112627.1	29	...A.....T.....C.....	148
NR_042073.1	39	...A.....T.....C.....	158
Query	120	GAATAATCTGTT-TCACCTCATGGTGA-AACACTGAAAGACGTTTCGGCTGTCGCTATAGGATGGGCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTACCAAGGCACGATGC	237
NR_112628.1	149	.....-.....-.....	266
NR_042072.1	159	.....-.....-.....	276
NR_112569.1	149	.....-.....-.....	266
NR_118146.1	138	.....A..G...-...C..T.....	255
NR_112627.1	149	.....T..G...-...C..T.....	266
NR_042073.1	159	.....C..G...-...C..T.....	276
Query	238	GTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTCCACAATGGGCGAAAGCTGATGGAGCAACGCCGCGT	357
NR_112628.1	267	.....	386
NR_042072.1	277	.....	396
NR_112569.1	267	.....	386
NR_118146.1	256	.....	375
NR_112627.1	267	.....	386
NR_042073.1	277	.....	396
Query	358	GAGTGAAGAAGGATTTGCGTTCTGTAAGGGAAGCAAGTACAGTAGTAAGTGGCTGTACCTTGACGGTACCTTATTAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGC	477
NR_112628.1	387	.....	506
NR_042072.1	397	.....	516
NR_112569.1	387	.....C.....	506
NR_118146.1	376	.....	495
NR_112627.1	387	.....	506
NR_042073.1	397	.....	516
Query	478	CGCGGTAATACGTAGTTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGTGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAACCTG	597
NR_112628.1	507	.....	626
NR_042072.1	517	.....	636
NR_112569.1	507	.....	626
NR_118146.1	496	.....	615
NR_112627.1	507	.....	626
NR_042073.1	517	.....	636
Query	598	GGAGACTTGAGTGCAGAAGAGGATAGTGGGAATTCAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATTGGAGGAACACAGTGGCGAAGGCACACTATCTGGTCTGTAAGTACACTGAGGCGCG	717
NR_112628.1	627	.....	746
NR_042072.1	637	.....	756
NR_112569.1	627	.....	746
NR_118146.1	616	.....	735
NR_112627.1	627	.....	746
NR_042073.1	637	.....	756
Query	718	AAAGCGTGGGAGCAAAACAGGATTAGATACGCTGGTAGCTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTTAGGGGGTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAAGCACTCCGCT	837
NR_112628.1	747	.....C.....	866
NR_042072.1	757	.....C.....	876
NR_112569.1	747	.....C.....	866
NR_118146.1	736	.....C.....	855
NR_112627.1	747	.....C.....	866
NR_042073.1	757	.....C.....	876
Query	838	GGGGAGTACGGTCGAAGACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACAGGTCTTGACATCCCGTTG	957
NR_112628.1	867	.....	986
NR_042072.1	877	.....	996
NR_112569.1	867	.....	986
NR_118146.1	856	.....	975
NR_112627.1	867	.....	986
NR_042073.1	877	.....	996
Query	958	ACCACTGTAGAGATATAGTTCCCTTCGGGGGCAACGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTGCTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACGAGSGCAACCCCTTGATCTA	1077
NR_112628.1	987	.....	1106
NR_042072.1	997	.....C.....T	1116
NR_112569.1	987	.....C.....T	1106
NR_118146.1	976	.....G....T.....A.....	1095
NR_112627.1	987	.....G....T.....A.....	1106
NR_042073.1	997	.....G....T.....A.....	1116
Query	1078	AGT-GCCATCATTAA-TTGGGCA	1098
NR_112628.1	1107	...T.....T.G.....	1129
NR_042072.1	1117	...T.....T.G.....	1139
NR_112569.1	1107	...T.....T.G.....	1129
NR_118146.1	1096	...T.....T.G.....	1118
NR_112627.1	1107	...T.....T.G.....	1129
NR_042073.1	1117	...T.....T.G.....	1139

### Task23

W analizowanym gatunku nukleotydy, które rozróżniają gatunek badany od pozostałych występuje nukleotyd T, podczas gdy w pozostałych C.

### Task24

G