

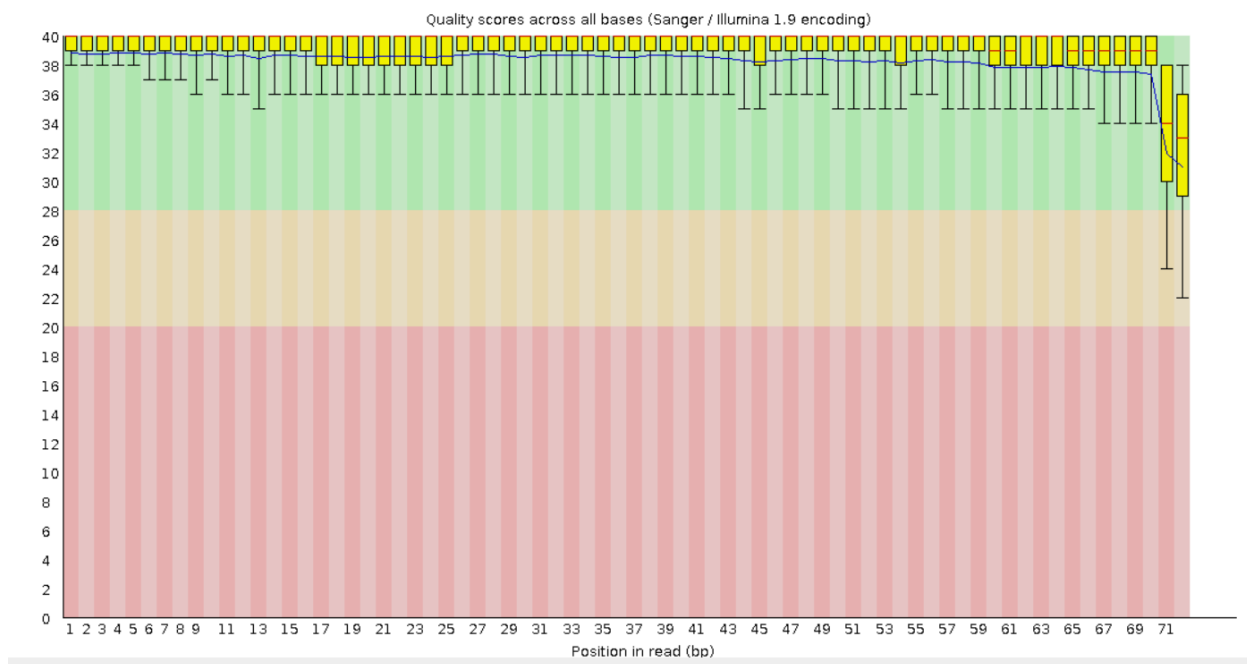
## Analiza danych wysokoprzepustowych – sprawozdanie 1

Praca wykonana na 2 plikach fastq zawierających wyniki sekwencjonowania krótkich RNA z genomu świni.

1. Wygenerowanie raportu FastQC, który określa jakość uzyskanych odczytów:

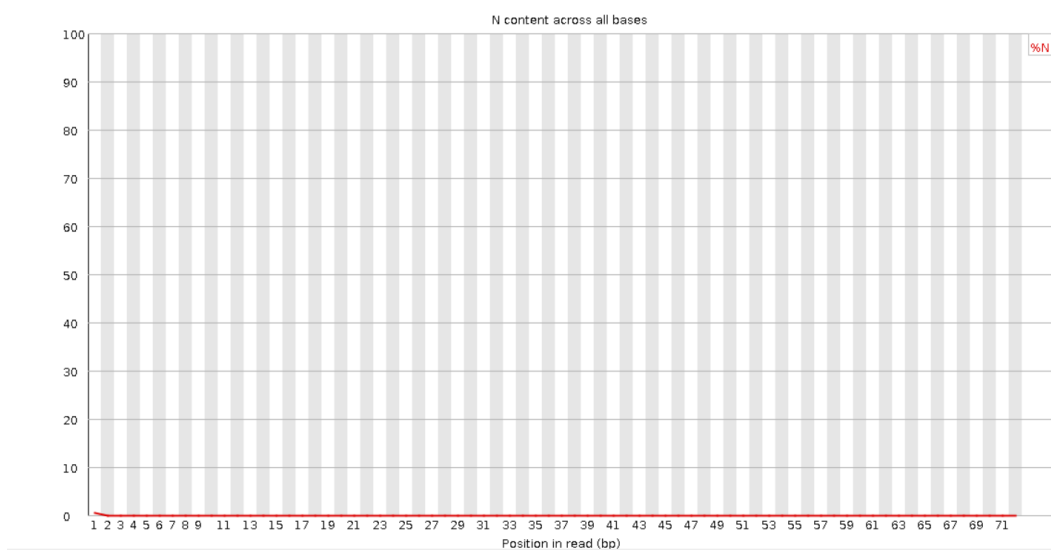
```
marcelb@pandora:~> /home/tools/FastQC/fastqc /home/lab1/JW10s_001.fastq -o ./
```

```
marcelb@pandora:~> /home/tools/FastQC/fastqc /home/lab1/JW10s_002.fastq -o ./
```

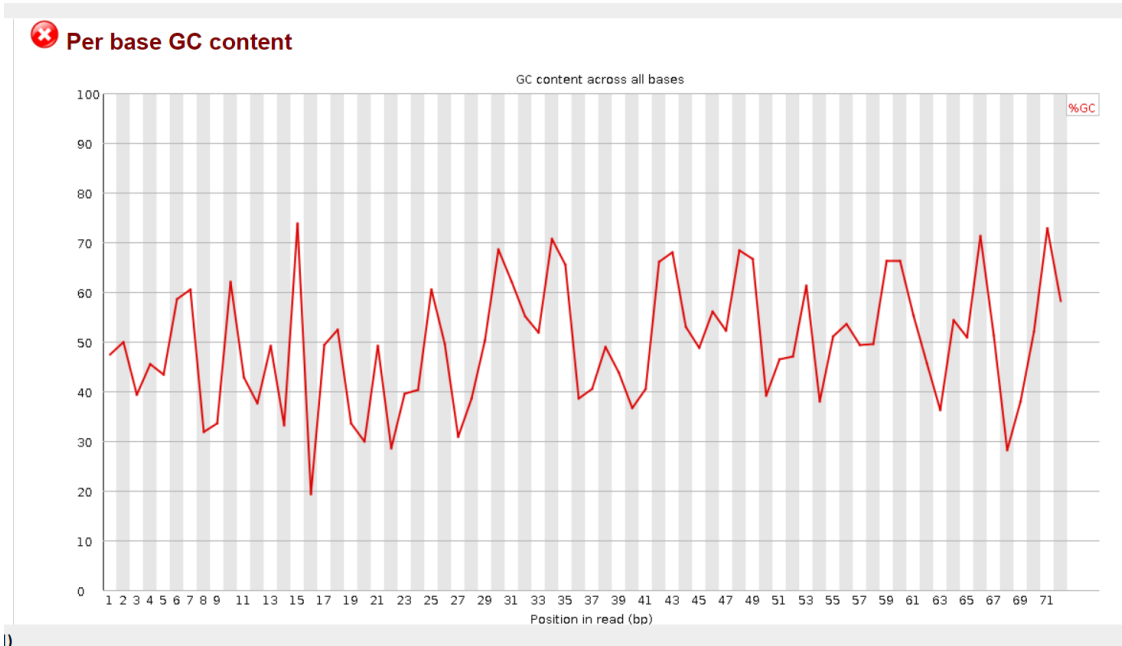


Powyższy wykres pokazuje średnią jakość odczytu względem pozycji. Widać, że jakość odczytów jest wysoka, z wyjątkiem pozycji 70 i 71, co normalne na końcach odczytów.

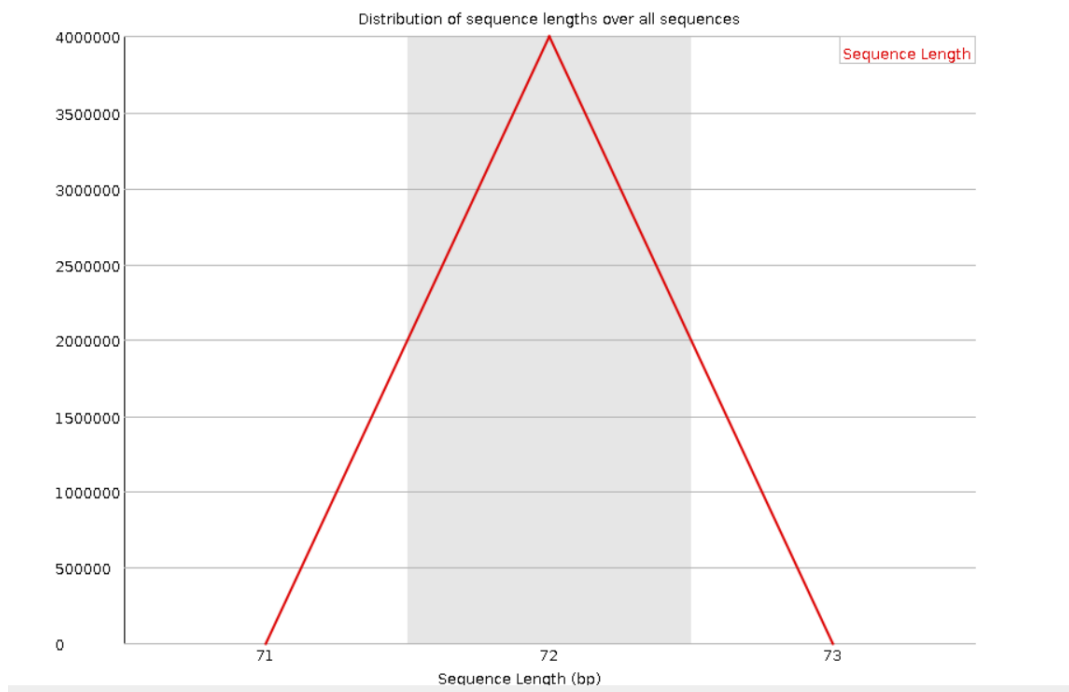
### ✓ Per base N content



Na tym wykresie przedstawiono ilość wywołań N w trakcie sekwencjonowania. N jest wstawiane kiedy nie da się poprawnie odczytać któregoś z 4 rodzajów nukleotydów. Wykres pokazuje więc na przestrzeni wszystkich sekwencji w których pozycjach wstawiano N. Widać, że było to niezwykle rzadkie o ile w ogóle obecne.



Powyżej ukazano zawartość nukleotydów GC w odczytach. Wyświetlone jest ostrzeżenie ponieważ rozkład powinien być zbliżony do normalnego.



Na tym wykresie widać rozkład długości odczytów. Wszystkie odczyty są o długości 72 z odchyleniem standardowym równym 1 (zdarzają się odczyty 71 lub 73).

## 2. Odcinanie adapterów, które służą tylko do przygotowania biblioteki i należy je usunąć:

Aby znaleźć sekwencje adapterową, możemy skorzystać z sekcji Overrepresented sequences w raporcie FastQC i z faktu, że takie adaptory zaczynają się od *TGGAATTCTC*... Wyszukana sekwencja adapterowa:



### Overrepresented sequences

Sequence	Count	Percentage	Possible Source
GCATTGGTGGTTCACTGGTAGAATTCTCGCCTTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGCA	413444	10.3361	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 40bp)
GTTCCGTTAGTGTAGTGGTTATCACGTTTCGCCTTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGC	339620	8.490499999999999	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 39bp)
TACCCTGTAGAACCGAATTTGTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGCATCTCGTATGC	297227	7.430675000000001	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 50bp)
TTTCTGTGATGAATCAAACTAGCTCACTATGAACTAACAATGAAAGATATGAACACCTGAGATGGAATTCT	239387	5.984674999999999	No Hit
TTCAAGTAATCCAGGATAGGCTTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGCATCTCGTATGC	136551	3.4137750000000002	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 50bp)
GCATTGGTGGTTCACTGGTAGAATTCTCGCCTTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGCAT	80447	2.011175	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 41bp)
GCATTGGTGGTTCACTGGTAGAATTCTCGCCTTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGCAT	66641	1.666025	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 41bp)
GCATGGGTGGTTCACTGGTAGAATTCTCGCCTTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGCA	58851	1.471275	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 40bp)
TGAGATGAAGCACTGTAGCTTGGAATTCTCGGGTGCCAAAGGAACTCCAGTCACCATGGCATCTCGTATGCCG	47035	1.175875	RNA PCR Primer, Index 34 (100% over 52bp)

Wycięcie adapterów:

```
fastx_clipper -i /home/lab1/JW10s_001.fastq -a 'TGGAATTCTCGGGTGCCAA' -v -o ./clip
```

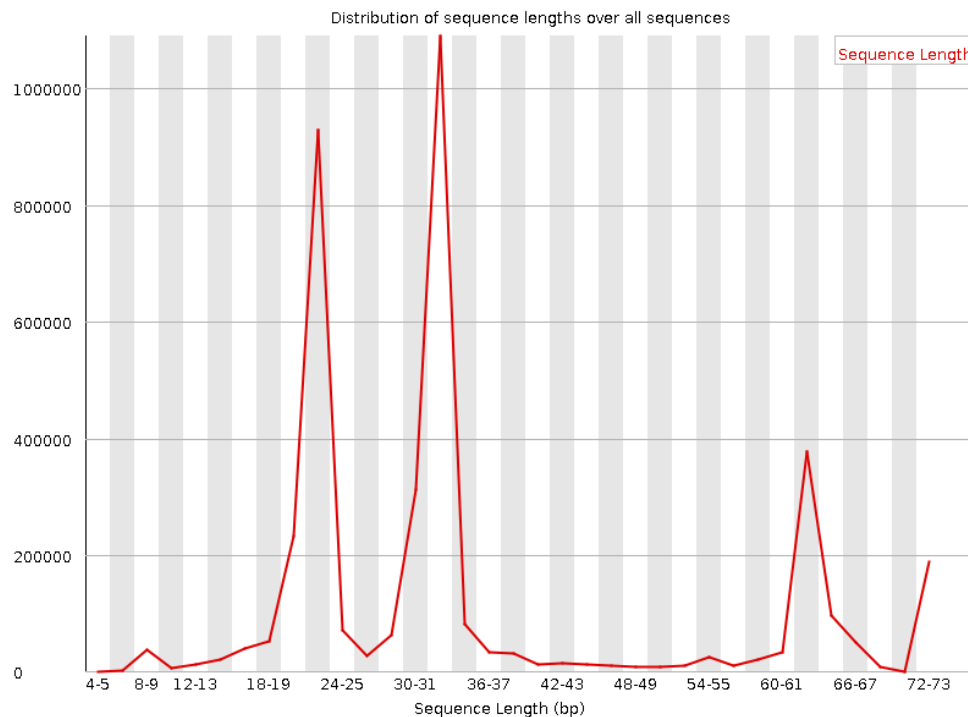
```
Clipping Adapter: TGGAATTCTCGGGTGCCAA
Min. Length: 5
Input: 4000000 reads.
Output: 3960248 reads.
discarded 1269 too-short reads.
discarded 13381 adapter-only reads.
discarded 25102 N reads.
marcelb@pandora:~> |
```

```
fastx_clipper -i /home/lab1/JW10s_002.fastq -a 'TGGAATTCTCGGGTGCCAA' -v -o ./clip2
```

```
Clipping Adapter: TGGAATTCTCGGGTGCCAA
Min. Length: 5
Input: 1772208 reads.
Output: 1754537 reads.
discarded 528 too-short reads.
discarded 5998 adapter-only reads.
discarded 11145 N reads.
```

Następnie sprawdzono raporty fastQC po odcięciu adapterów. Główna i porządkana zmiana nastąpiła w sekcji Sequence Length Distribution:

### ! Sequence Length Distribution



Jest to porządkana zmiana, ponieważ po odcięciu adapterów nie oczekujemy już, że nasze odczyty mają długości ok. 72 bp, gdyż są to krótsze RNA, które były sekwencjonowane i które są przedmiotem naszego zainteresowania. Np. widoczne są miRNA, siRNA i piRNA, które osiągają długości nieco ponad 20 nukleotydów. Widać również nieco dłuższe fragmenty, które mogą być fragmentami tRNA lub snRNA.

### 3. Filtrowanie odczytów

```
marcelb@pandora:~> fastq_quality_filter -i ./clip -q 30 -p 80 -o./clip_filtered -v
Quality cut-off: 30
Minimum percentage: 80
Input: 3960248 reads.
Output: 3811404 reads.
discarded 148844 (3%) low-quality reads.
```

```
marcelb@pandora:~> fastq_quality_filter -i ./clip2 -q 30 -p 80 -o./clip2_filtered -v
Quality cut-off: 30
Minimum percentage: 80
Input: 1754537 reads.
Output: 1680287 reads.
discarded 74250 (4%) low-quality reads.
marcelb@pandora:~> |
```

#### 4. Łączenie plików

```
marcelb@pandora:~> cat clip_filtered clip2_filtered > clip_filtered_merged
```

#### 5. Łączenie tych samych sekwencji za pomocą narzędzia FastQ Collapser

```
marcelb@pandora:~> fastx_collapser -i ./clip_filtered_merged -v -o ./filtered_merged_collapsed
Input: 5491691 sequences (representing 5491691 reads)
Output: 205712 sequences (representing 5491691 reads)
```

#### 6. Przeszukiwanie BLAST 3 najbardziej licznych sekwencji

```
marcelb@pandora:~> head filtered_merged_collapsed
>1-598816
GCATTGGTGGTTCAGTGGTAGAATTCTCGCCT
>2-493868
GTTTCCGTAGTGTAGTGGTTATCACGTTTCGCCT
>3-436915
TACCCTGTAGAACCGAATTTGT
>4-338190
TTTCTGTGATGAATCAAACCTAGCTCACTATGAACTAACAATGAAAAGATATGAACACCTGAGA
>5-195780
TTCAAGTAATCCAGGATAGGCT
```

- a) Wszystkie organizmy:  
Sekwencja 1 – najliczniejsza:

Other reports [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#) [?](#)

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

DownloadSelect columnsShow100

☒ select all

100 sequences selected

GenBank

Graphics

Distance tree of results

MSA Viewer

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Myotis daubentonii genome assembly, chromosome: 7</a>	<a href="#">Myotis daubent...</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	97173998	<a href="#">OY725366.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Falco punctatus genome assembly, chromosome: 14</a>	<a href="#">Falco punctatus</a>	60.2	301	100%	3e-06	100.00%	24599184	<a href="#">OY723447.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Falco punctatus genome assembly, chromosome: 8</a>	<a href="#">Falco punctatus</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	65514881	<a href="#">OY723441.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Falco punctatus genome assembly, chromosome: 6</a>	<a href="#">Falco punctatus</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	92385878	<a href="#">OY723438.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Falco punctatus genome assembly, chromosome: 5</a>	<a href="#">Falco punctatus</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	92392464	<a href="#">OY723437.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 24</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	60.2	240	100%	3e-06	100.00%	20920240	<a href="#">OY660887.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 23</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	60.2	120	100%	3e-06	100.00%	21535717	<a href="#">OY660886.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 5</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	60.2	421	100%	3e-06	100.00%	36748142	<a href="#">OY660868.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 2</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	60.2	3552	100%	3e-06	100.00%	39987754	<a href="#">OY660865.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">PREDICTED: Acipenser ruthenus RNA-binding protein FUS-like (LOC117414414), mRNA</a>	<a href="#">Acipenser ruth...</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	9004	<a href="#">XM_059019715.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Cordylocheres scorpioides isolate IN4F17 chromosome 19</a>	<a href="#">Cordylocheres...</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	75730709	<a href="#">CP092881.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Cordylocheres scorpioides isolate IN4F17 chromosome 11</a>	<a href="#">Cordylocheres...</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	96169140	<a href="#">CP092873.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Carassius carassius genome assembly, chromosome: 48</a>	<a href="#">Carassius cara...</a>	60.2	481	100%	3e-06	100.00%	24578562	<a href="#">OY720515.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Carassius carassius genome assembly, chromosome: 31</a>	<a href="#">Carassius cara...</a>	60.2	60.2	100%	3e-06	100.00%	31141909	<a href="#">OY720498.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Carassius carassius genome assembly, chromosome: 30</a>	<a href="#">Carassius cara...</a>	60.2	120	100%	3e-06	100.00%	31411436	<a href="#">OY720497.1</a>

## Sekwencja 2:

Descriptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy
--------------	-----------------	------------	----------

Sequences producing significant alignments

DownloadSelect columnsShow100?

☒ select all100 sequences selected

GenBankGraphicsDistance tree of resultsMSA Viewer

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Myotis daubentonii genome assembly, chromosome: 10</a>	<a href="#">Myotis daubent...</a>	62.1	62.1	100%	8e-07	100.00%	86425250	<a href="#">OY725369.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Myotis daubentonii genome assembly, chromosome: 9</a>	<a href="#">Myotis daubent...</a>	62.1	62.1	100%	8e-07	100.00%	86660771	<a href="#">OY725368.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Myotis daubentonii genome assembly, chromosome: 8</a>	<a href="#">Myotis daubent...</a>	62.1	62.1	100%	8e-07	100.00%	95744235	<a href="#">OY725367.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Myotis daubentonii genome assembly, chromosome: 7</a>	<a href="#">Myotis daubent...</a>	62.1	118	100%	8e-07	100.00%	97173998	<a href="#">OY725366.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Falco punctatus genome assembly, chromosome: 13</a>	<a href="#">Falco punctatus</a>	62.1	62.1	100%	8e-07	100.00%	30344740	<a href="#">OY723446.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 21</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	62.1	62.1	100%	8e-07	100.00%	28232734	<a href="#">OY660884.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 9</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	62.1	428	100%	8e-07	100.00%	35842256	<a href="#">OY660872.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 5</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	62.1	4756	100%	8e-07	100.00%	36748142	<a href="#">OY660868.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Xyrichtys novacula genome assembly, chromosome: 2</a>	<a href="#">Xyrichtys novac...</a>	62.1	372	100%	8e-07	100.00%	39987754	<a href="#">OY660865.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">PREDICTED: Acipenser ruthenus uncharacterized LOC131699610 (LOC131699610).ncRNA</a>	<a href="#">Acipenser ruthe...</a>	62.1	62.1	100%	8e-07	100.00%	912	<a href="#">XR_009308212.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">PREDICTED: Acipenser ruthenus uncharacterized LOC117412876 (LOC117412876).ncRNA</a>	<a href="#">Acipenser ruthe...</a>	62.1	62.1	100%	8e-07	100.00%	2978	<a href="#">XR_009308207.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">PREDICTED: Acipenser ruthenus uncharacterized LOC117431358 (LOC117431358).transcript variant...</a>	<a href="#">Acipenser ruthe...</a>	62.1	120	100%	8e-07	100.00%	6980	<a href="#">XM_058996068.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">PREDICTED: Acipenser ruthenus uncharacterized LOC117431358 (LOC117431358).transcript variant...</a>	<a href="#">Acipenser ruthe...</a>	62.1	120	100%	8e-07	100.00%	6851	<a href="#">XM_058996067.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">PREDICTED: Acipenser ruthenus uncharacterized LOC117431358 (LOC117431358).transcript variant...</a>	<a href="#">Acipenser ruthe...</a>	62.1	120	100%	8e-07	100.00%	7041	<a href="#">XM_058996066.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Carassius carassius genome assembly, chromosome: 47</a>	<a href="#">Carassius cara...</a>	62.1	124	100%	8e-07	100.00%	26888846	<a href="#">OY720514.1</a>

Widać, że jest mnóstwo wyników, w których mamy 100% pokrycia ze 100% identycznością przy bardzo niskich wartościach e-value. Oznacza to, że spośród wykrytych w komórkach Świni krótkich RNA, 2 najczęstsze obecne są w wielu innych organizmach (wyniki to całe genomy lub chromosomy) i mogą to być mocno uniwersalne sekwencje RNA. Organizmy w których znaleziono te 2 sekwencje mocno się nakładają – zbliżone wyniki.

## Sekwencja 3:

Nie znaleziono wyników. Przy zmianie parametrów na 'Somewhat similar sequences' uzyskujemy poniższe wyniki:

<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">PREDICTED: Bos taurus homeobox D4 (HOXD4).transcript variant X2.mRNA</a>	<a href="#">Bos taurus</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	5015	<a href="#">XM_010801892.4</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">PREDICTED: Bos taurus homeobox D4 (HOXD4).transcript variant X1.mRNA</a>	<a href="#">Bos taurus</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	5018	<a href="#">XM_010801891.4</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Conger conger genome assembly, chromosome: 17</a>	<a href="#">Conger conger</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	40826945	<a href="#">OY741330.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Conger conger genome assembly, chromosome: 3</a>	<a href="#">Conger conger</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	83289512	<a href="#">OY741316.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Conger conger genome assembly, chromosome: 14</a>	<a href="#">Conger conger</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	47674658	<a href="#">OY741327.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Chelon labrosus genome assembly, chromosome: 10</a>	<a href="#">Chelon labrosus</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	30637012	<a href="#">OY741298.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Chelon labrosus genome assembly, chromosome: 5</a>	<a href="#">Chelon labrosus</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	31571676	<a href="#">OY741293.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Eutrigla gurnardus genome assembly, chromosome: 12</a>	<a href="#">Eutrigla gurnard...</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	28466340	<a href="#">OY741275.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Eutrigla gurnardus genome assembly, chromosome: 8</a>	<a href="#">Eutrigla gurnard...</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	30675866	<a href="#">OY741271.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Raja brachyura genome assembly, chromosome: 7</a>	<a href="#">Raja brachyura</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	95332520	<a href="#">OY740787.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fringilla coelebs genome assembly, chromosome: 7</a>	<a href="#">Fringilla coelebs</a>	44.1	44.1	100%	0.14	100.00%	38678189	<a href="#">OY740731.1</a>

Tym sposobem otrzymaliśmy wyniki ale z wysokim E-value, nie są one wiarygodne, choć patrząc np. na przewidywaną sekwencję pochodzącą z Bos Taurus – byłaby domowego, jest ona sekwencją miRNA. Być może po głębszej analizie tym tropem możnaby dojść do jakiś wniosków.

## b) Organizm Sus scrofa – dzik azjatycki

☒ select all    3 sequences selected
 

[GenBank](#)
[Graphics](#)
[Distance tree of results](#)
[MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa DNA, contains BIRC6, YIPF4, NLRC4, SLC30A6 genes, clone: L442104</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	60.2	60.2	100%	8e-09	100.00%	193453	<a href="#">LC144946.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 12</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	60.2	60.2	100%	8e-09	100.00%	63073457	<a href="#">CP071563.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 16</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	52.8	52.8	87%	1e-06	100.00%	81227385	<a href="#">CP071568.1</a>

☒ select all
 3 sequences selected

[GenBank](#)
[Graphics](#)
[Distance tree of results](#)
[MSA View](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">PREDICTED: Sus scrofa actin related protein T3 (ACTRT3), mRNA</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	62.1	62.1	100%	2e-09	100.00%	3713	<a href="#">XM_003358668</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 10</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	62.1	62.1	100%	2e-09	100.00%	71502813	<a href="#">CP071561.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Pig DNA sequence from clone CH242-113D8 on chromosome 7, complete sequence</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	62.1	62.1	100%	2e-09	100.00%	182046	<a href="#">CT009664.17</a>

Dla obu pierwszych sekwencji znaleziono po 3 wyniki.

Dla 3 ponownie nie znaleziono i zmieniono kryteria wyszukiwania jak poprzednio:

☒ select all
 100 sequences selected
 

[GenBank](#)
[Graphics](#)
[Distance tree of results](#)
[MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa DNA, contains BIRC6, YIPF4, NLRC4, SLC30A6 genes, clone: L442104</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	59.0	59.0	100%	1e-08	100.00%	193453	<a href="#">LC144946.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 12</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	59.0	4189	100%	1e-08	100.00%	63073457	<a href="#">CP071563.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">PREDICTED: Sus scrofa hes family bHLH transcription factor 7 (HES7), mRNA</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	54.5	54.5	100%	6e-07	96.88%	2508	<a href="#">XM_021067858.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 16</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	51.8	4864	100%	2e-06	100.00%	81227385	<a href="#">CP071567.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Pig DNA sequence from clone CH242-277K20 on chromosome X, complete sequence</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	50.0	50.0	100%	7e-06	93.75%	186329	<a href="#">CU606856.13</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Pig DNA sequence from clone CH242-383I9 on chromosome 4, complete sequence</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	48.2	48.2	81%	2e-05	100.00%	197356	<a href="#">CU207284.5</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 10</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	46.4	4930	100%	9e-05	93.75%	71502813	<a href="#">CP071561.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 17</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	45.5	4602	100%	3e-04	90.62%	65056060	<a href="#">CP071568.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Pig DNA sequence from clone CH242-187M17 on chromosome X, complete sequence</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	45.5	45.5	100%	3e-04	90.62%	89986	<a href="#">FP085570.5</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Pig DNA sequence from clone CH242-228D7 on chromosome 2, complete sequence</a>	<a href="#">Sus scrofa</a>	45.5	72.0	84%	3e-04	96.30%	205791	<a href="#">FP101995.17</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Sus scrofa scrofa breed NS chromosome 18</a>	<a href="#">Sus scrofa scrofa</a>	42.8	3247	100%	0.001	92.86%	57355364	<a href="#">CP071569.1</a>

2 pierwsze sekwencje wydają się faktycznie być krótkimi RNA, natomiast 3 sekwencja budzi obawy. Być może jest to jakieś krótkie RNA lub fragment dłuższego, specyficznie występujący w komórkach świni.