

Wstęp do bioinformatyki

Laboratorium 1

Magdalena Trędak

236712

Grupa: Pt 9:15-11:00

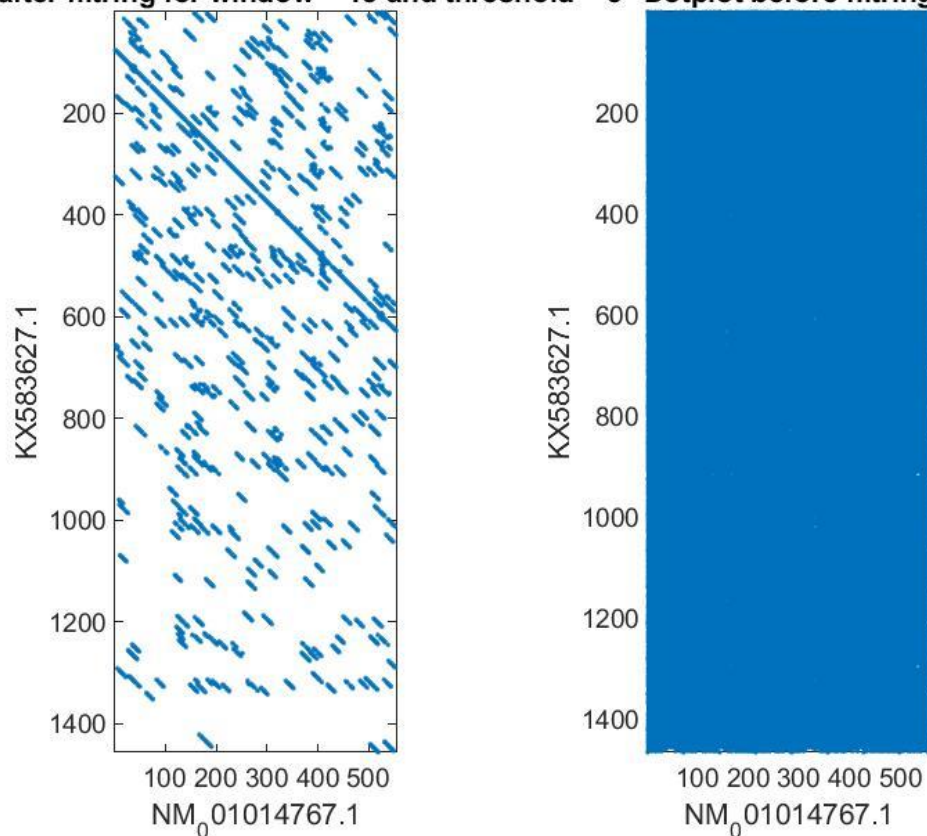
Odnosnik do GitHuba: <https://github.com/student236712/wdb/tree/zad1>

Przykładowe wywołanie programu z linii poleceń programu MATLAB R2018 a:

```
makeDotPlot(15,5,2,'C:\Users\tadga\OneDrive\Pulpit','wykres5','-  
djpeg','C:\Users\tadga\OneDrive\Pulpit','sequence.fasta','C:\Users\t  
adga\OneDrive\Pulpit','sequence2.fasta')
```

oraz jego wynik

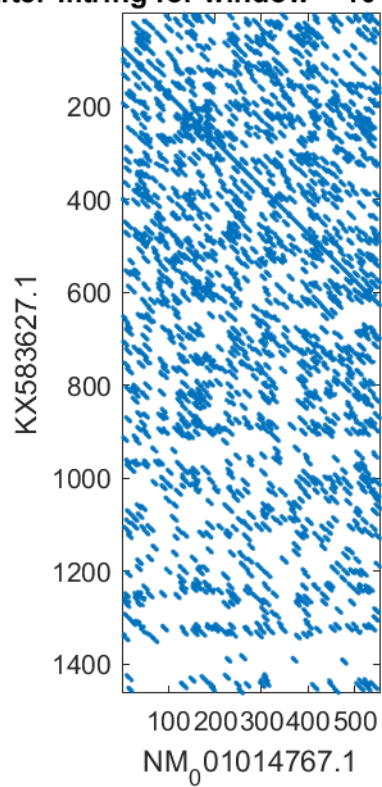
Dotplot after filtering for window = 15 and threshold = 5 **Dotplot before filtering**



Ze względu na dużą ilość danych oraz duże powiązanie organizmów w dalszej części korzystano tylko z wykresu po filtrowaniu, który można uzyskać jako samodzielny obraz podając jako trzeci argument funkcji makeDotPlot liczbę 1.

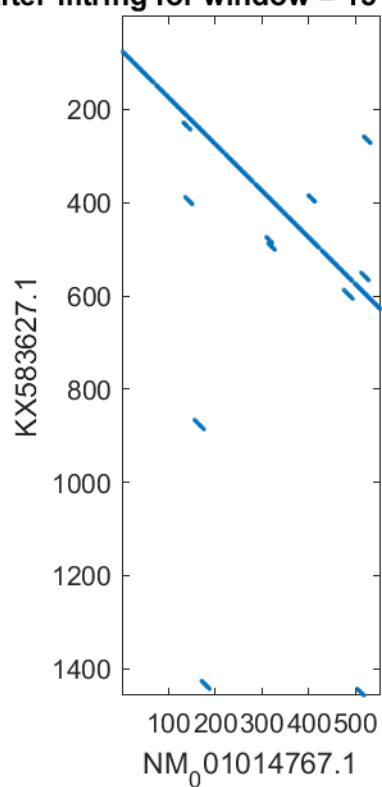
Macierz kropkowa par sekwencji ewolucyjnie powiązanych (Canis lupus – Wilk szary i Canis lupus familiaris – pies domowy) dla okna = 10 i s = 3

Dotplot after filtering for window = 10 and threshold = 3



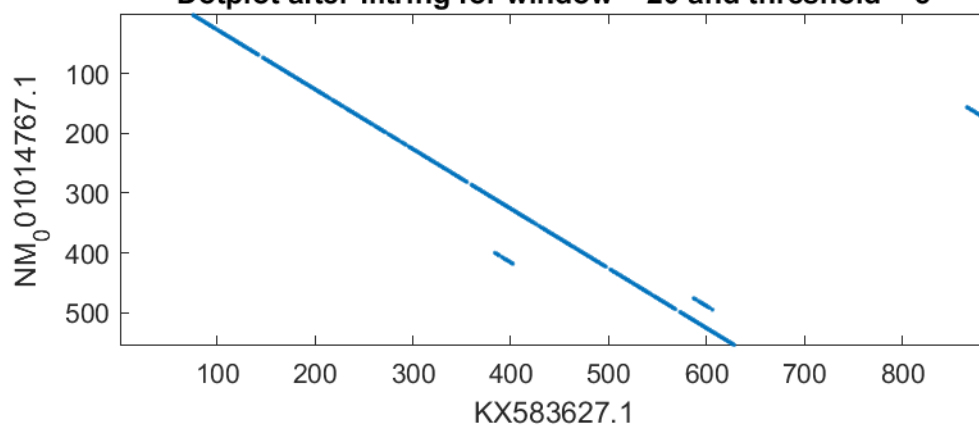
Macierz kropkowa par sekwencji MHC organizmów ewolucyjnie powiązanych (Canis lupus – Wilk szary i Canis lupus familiaris – pies domowy) dla okna = 15 i s = 3

Dotplot after filtering for window = 15 and threshold = 3

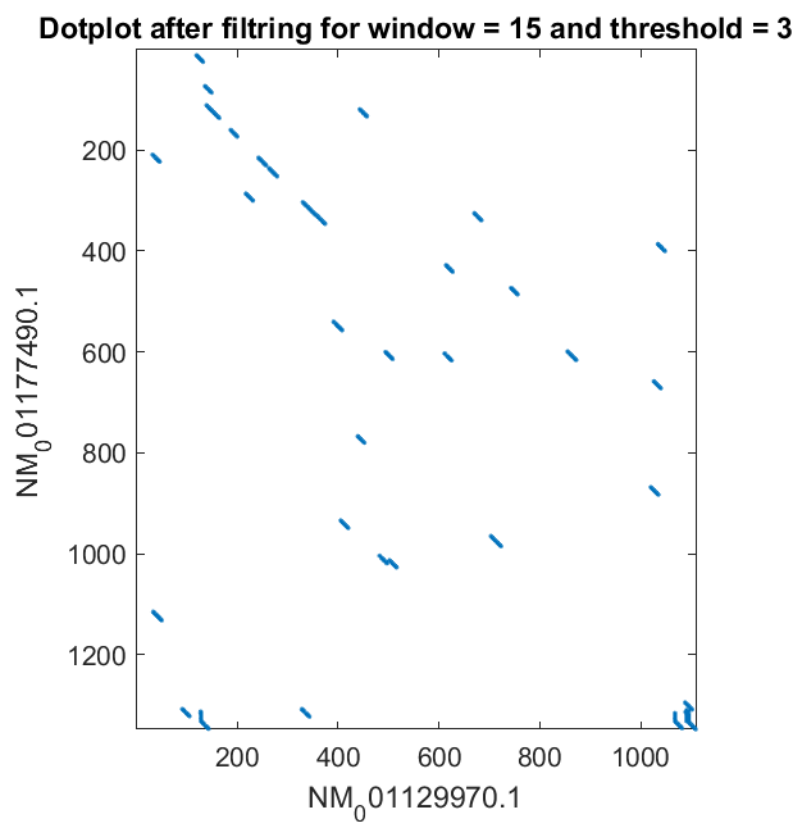


Macierz kropkowa par sekwencji MHC organizmów ewolucyjnie powiązanych (*Canis lupus* – Wilk szary i *Canis lupus familiaris* – pies domowy) dla okna = 20 i $s = 5$

Dotplot after filtering for window = 20 and threshold = 5

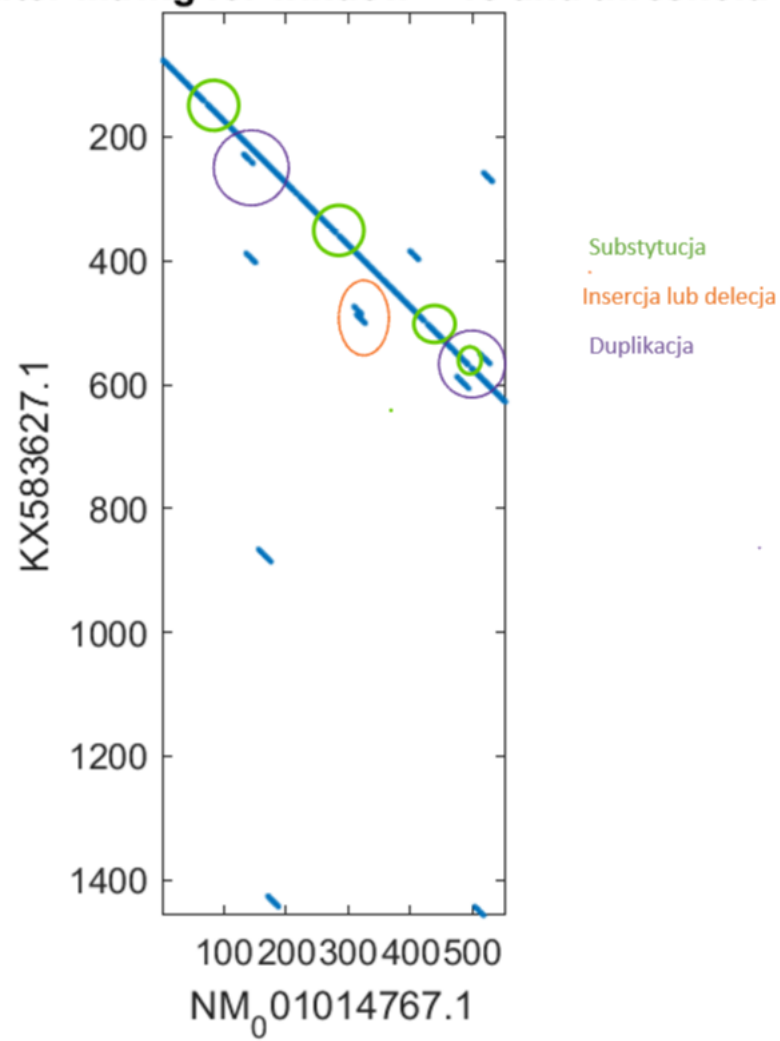


Macierz kropkowa par sekwencji ewolucyjnie nie powiązanych (*Sus scrofa*—świnia domowa i *Apis mellifera* – pszczoła miodna) dla okna = 15 i s = 3

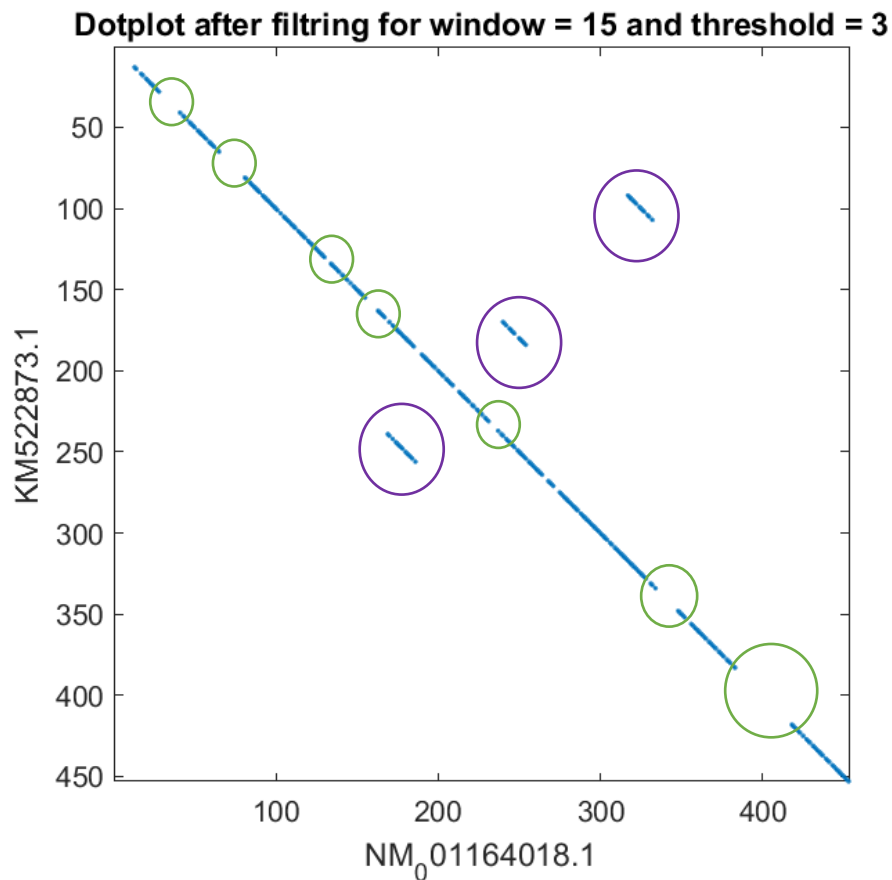


Analiza i określenie rodzaju mutacji dla par sekwencji MHC organizmów ewolucyjnie powiązanych (*Canis lupus* – Wilk szary i *Canis lupus familiaris* – pies domowy) dla okna = 15 i s = 3

Dotplot after filtering for window = 15 and threshold = 3



Analiza i określenie rodzaju mutacji dla par sekwencji cytochromu C organizmów ewolucyjnie powiązanych (świnia domowa i antylopa) dla okna = 15 i s = 3



Najdłuższa przekątna przesunięta jest względem głównej przekątnej, natomiast w drugim przypadku pokrywają się ze sobą. Występujące w niej przerwy, zaznaczone na zielono nie pokrywają się z innymi dłuższymi fragmentami w tym miejscu. Oznacza to, że najprawdopodobniej zachodziła w tym miejscu substytucja. Nachodzenie na siebie dwóch fragmentów sekwencji, oznaczonych kolorem pomarańczowym sugeruje, że były one jedną prostą linią, na drodze ewolucji przemieściły się między sobą. Takie przemieszczenie powoduje wstawienie lub usunięcie punktowych nukleotydów z sekwencji obu porównywanych organizmów albo tylko jednego z nich. Duplikacje to powtórzenie pewnych fragmentów sekwencji i wbudowanie ich na nowo, blisko miejsca ich pierwotnego wystąpienia. Na powyższym rysunku oznaczone kolorem fioletowym pokazują dłuższe linie w pobliżu głównej przekątnej równoległe do niej.