1

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Итерация | Кол-во находок выше порога | Появились ли новые находки | Находка | ID | Score | E-value |
| 1 | 22 | - | Лучшая | [P73548.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/3121844?report=genbank&log$=prottop&blast_rank=1&RID=Z586RZRW01R) | 114 | 3e-28 |
| Худшая | [Q9P381.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/74665248?report=genbank&log$=prottop&blast_rank=45&RID=Z586RZRW01R) | 41,6 | 0,004 |
| 2 | 25 | да | Лучшая | [Q9M001.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/75311740?report=genbank&log$=prottop&blast_rank=1&RID=Z58CHD5X01R) | 191 | 4e-56 |
| Худшая | [Q49433.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/2498225?report=genbank&log$=prottop&blast_rank=48&RID=Z58CHD5X01R) | 61.6 | 1e-09 |
| 3 | 50 | да | Лучшая | [Q9M001.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/75311740?report=genbank&log$=prottop&blast_rank=1&RID=Z58GDPMU01R) | 181 | 1e-52 |
| Худшая | [Q49433.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/2498225?report=genbank&log$=prottop&blast_rank=48&RID=Z58GDPMU01R) | 76.2 | 6e-15 |

Запустил Psi-Blast. Провел 3 итерации, пока количество находок не перестало меняться. E-value худшей "правильной" находкой равна 6e-15, а "лучшей" неправильной - 0.008. На мой взгляд это достаточно большая разница, чтобы сказать, что, вероятнее всего, эти белки – гомолиги моего.

Условия поиска: <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE_TYPE=BlastSearch&VIEW_SEARCH=on&UNIQ_SEARCH_NAME=A_SearchOptions_1ZaKz8_c0b_deQulvRALV8_GTW6B_RbQbK>

Или файл Z58GDPMU01R\_search\_strategy.asn

Последовательности – seqdump.fasta

Задание 3

Построил множественное выравнивание с помощью muscle. Команда: muscle -in seqdump.fasta -out align\_muscle.fasta.

Файл- align\_muscle.fasta

Задание 4

Чтобы выбрать seed (seed.fasta) я использовал Remove redundancy - 50%. В итоге осталось 22 последовательности. Провел выравнивание с помощью muscle. (seed\_muscle.fasta). Окна seed и seed\_muscle в jalview/

Задание 5

Построил выравнивание seed`а с помощью mafft. Окно seed\_mafft в jalview. Файл seed\_mafft.fasta.

Задание 6.  
С помощью muscleвыровнял выравнивания относительно друг друга. Хоть выравнивания и построены по разным алгоритмам, есть абсолютно схожие столбцы. Вероятно, это одни и те же столбцы двух выравниваний, но если смотреть по всей длине, они сильно различаются (что понятно, ведь алгоритмы разные). Файл – both.fasta. Окно в jalview – both.