

**Analisi e Modificazioni di  
Sequenze di DNA o di RNA  
con la**

**TEORIA TRICROMATICA  
DELL'EQUILIBRIO  
DEI SISTEMI**



**Capitolo I ° (Parte Seconda):**

***Analisi di 19  
Sequenze della  
Catena A dell'Insulina***

**Autore: *Nunzio Bonaventura*  
Tecnico informatico: *Vincenzo Viggiano***

**13 Aprile 2019**

## INDICE DEL CAPITOLO PRIMO (Parte Seconda)

<b>Introduzione</b> .....	pag. 6
<b>CAPITOLO I° (Parte Seconda): <i>Analisi di 19 Sequenze della Catena A dell'Insulina</i></b>	
<b><i>Nuova ricerca Blast sulla Sequenza di DNA della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.1 Nuova ricerca Blast sulla sequenza di 63 basi di DNA della Catena A dell'Insulina .....	pag. 10
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°1/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.2 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 1/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 31
1.3 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 1/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 36
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°2/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.4 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 2/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 49
1.5 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 2/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 54
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°3/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.6 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 3/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 62
1.7 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 3/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 67
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°4/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.8 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 4/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 73
1.9 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 4/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 78
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°5/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.10 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 5/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 87

1.11 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 5/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 92
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°6/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.12 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 6/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 96
1.13 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 6/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 101
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°7/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.14 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 7/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 118
1.15 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 7/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 123
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°8/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.16 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 8/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 126
1.17 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 8/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 131
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°9/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.18 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 9/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 146
1.19 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 9/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 151
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°10/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.20 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 10/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 159
1.21 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 10/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 164
<b><i>Analisi Completa della Sequenza n°11/1 della Catena A dell'Insulina</i></b>	
1.22 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 11/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 173

1.23 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 11/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 178
--	----------

***Analisi Completa della Sequenza n°12/1 della Catena A dell'Insulina***

1.24 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 12/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 181
--	----------

1.25 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 12/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 186
--	----------

***Analisi Completa della Sequenza n°13/1 della Catena A dell'Insulina***

1.26 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 13/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 194
--	----------

1.27 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 13/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 199
--	----------

***Analisi Completa della Sequenza n°14/1 della Catena A dell'Insulina***

1.28 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 14/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 207
--	----------

1.29 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 14/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 212
--	----------

***Analisi Completa della Sequenza n°15/1 della Catena A dell'Insulina***

1.30 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 15/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 216
--	----------

1.31 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 15/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 221
--	----------

***Analisi Completa della Sequenza n°16/1 della Catena A dell'Insulina***

1.32 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 16/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 229
--	----------

1.33 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 16/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 234
--	----------

***Analisi Completa della Sequenza n°17/1 della Catena A dell'Insulina***

1.34 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 17/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 239
--	----------

1.35 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 17/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 244
--	----------

***Analisi Completa della Sequenza n°18/1 della Catena A dell'Insulina***

1.36 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 18/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 266
1.37 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 18/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 271

***Analisi Completa della Sequenza n°19/1 della Catena A dell'Insulina***

1.38 Risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 19/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 278
1.39 Implicazioni relative ai risultati grafici dell'analisi del "Trend Non Manifesto" della Sequenza n° 19/1 della Catena A dell'Insulina .....	pag. 283

***Percentuali e Numero di Basi in Comune  
tra tutte le Sequenze Analizzate della Catena A dell'Insulina***

1.40 Percentuali e Numero di Basi in Comune (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) tra tutte le Sequenze Analizzate della Catena A dell'Insulina .....	pag. 286
--	----------

***Discussione dei Risultati, Chiarimenti e Conclusioni***

1.41 Discussione generale dei risultati .....	pag. 292
1.42 Chiarimenti e integrazioni riguardo l'analisi dei risultati discussi nel Capitolo I° Parte Prima .....	pag. 302
1.43 Conclusioni.....	pag. 305

## INTRODUZIONE

In questo Capitolo è data ampia dimostrazione dell'applicazione della **TEORIA TRICROMATICA DELL'EQUILIBRIO DEI SISTEMI (T.T.E.S.)** all'analisi e alle modificazioni di sequenze di DNA o di RNA.

Prima di iniziare la lettura di questo Capitolo è indispensabile la lettura propedeutica dell'Introduzione e dei Paragrafi 1.1 e 1.2 del Capitolo I° Parte Prima [([Analisi e modificazioni di Sequenze di DNA o di RNA con la T\\_T\\_E\\_S\\_ \(Capitolo I° - Parte Prima\)](#))].

Da una **sequenza originaria** di DNA o di RNA (nello specifico la **Catena A dell'Insulina**), il software della **T.T.E.S.** (per approfondimenti si veda anche il sito web [www.ttesystems.eu/index.php](http://www.ttesystems.eu/index.php)) genera numerose e diverse **nuove sequenze** di basi di DNA o di RNA **che rispettano fedelmente i diversi e numerosi “trend non manifesti”** della sequenza originaria.

Nelle pagine che seguono riportiamo una *quantità considerevole di risultati ottenuti dall'analisi della Sequenza Originaria di DNA.*

In particolare, presentiamo i risultati di *tutti gli allineamenti significativi* ottenuti da **19 nuove sequenze di basi di DNA generate** rispettando fedelmente **19 specifici** “trend non manifesti” della *sequenza originaria.*

Queste **19 nuove sequenze** sono costituite da basi quasi totalmente differenti da quelle della **sequenza originaria.**

L'**ipotesi** che s'intende avvalorare è quella che le **19 nuove sequenze** abbiano forti relazioni con le caratteristiche della **sequenza originaria.**

Dal nostro punto di vista, ogni *organismo* identificato da un allineamento significativo con le **19 nuove sequenze generate**, dovrebbe essere in qualche modo connesso:

- 1) con la **sequenza originale** (la **Catena dell'Insulina**);
- 2) agli *organismi* che sono stati identificati grazie alla ricerca Blast eseguita sulla **Catena A dell'Insulina**;
- 3) e, in parte, anche agli altri *organismi* per i quali sono stati identificati allineamenti significativi con le **19 nuove sequenze generate**.

Nel Capitolo I° Parte Prima, delle **19 nuove sequenze generate**, è stata analizzata solo la **Sequenza n°1/1**.

I risultati della ricerca **BLAST** (*Basic Local Alignment Search Tool* (1)) sulla **Sequenza n°1/1** hanno evidenziato allineamenti significativi con il DNA (o RNA) di diversi *organismi* (si vedano i paragrafi 1.7, 1.8 e 1.9 del Capitolo I° Parte Prima e i paragrafi 1.3 e 1.42 di questo Capitolo).

Nel Capitolo I° Parte Prima sono stati approfonditi gli allineamenti significativi di **due** specie di *organismi*: alcune specie di batteri **Pseudomonas** e il nematoda **Heligmosomoides polygyrus** (*organismi* entrambi costituiti da basi di DNA della nuova sequenza generata: la **Sequenza n°1/1**).

La **ricerca bibliografica** conferma l'esistenza di **importanti relazioni** tra le caratteristiche di *Pseudomonas* e *Heligmosomoides polygyrus*, identificati con la ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n°1/1**, e alcune delle caratteristiche funzionali dell'**Insulina**.

Come si potrà apprezzare in questo Capitolo, l'analisi (attraverso la **T.T.E.S.**) della *sequenza originaria* - basata su **19** dei suoi "trend non manifesti" (i **Trend n°1, n°2...n°19**) - e la creazione di **19 nuove sequenze** di DNA (le **Sequenze n°1/1, n°2/1,...n°19/1**) dai **19 Trend** della *sequenza originaria*, meritano ulteriori *studi specifici e approfondimenti bibliografici*.

L'**analisi comparata** di tutte le **sequenze** e degli "organismi" identificati dalla ricerca Blast condotta sulla **Catena A dell'Insulina** e dalla ricerca Blast effettuata sulle **19 nuove sequenze** apre la strada a una nuova prospettiva sulla ricerca genetica e sulle sue innumerevoli applicazioni.

(1) Altschul S. F., Madden T. L., Schaffer A. A., Zhang J., Zhang Z., Miller W. and D. J. Lipman. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.*, 1997, 25 (17) :3389-3402. PMID: 9254694. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC146917/>

# **CAPITOLO I °**

## **(Parte Seconda)**



**Nuova ricerca Blast sulla  
Sequenza di DNA della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.1 NUOVA RICERCA BLAST SULLA SEQUENZA DI 63 BASI DI DNA DELLA CATENA A DELL'INSULINA

La **sequenza di 63 basi di DNA** della **Catena A dell'Insulina**, acquisita direttamente dal sito del NCBI [*National Center for Biotechnology Information* (1)], è stata oggetto di una nuova e più estesa ricerca **BLAST** (rispetto alla ricerca effettuata nel Capitolo I° Parte Prima, Hitlist size **1000**, piuttosto che **100**).

### Parametri della ricerca BLAST effettuata in data **9/04/2019**:

Programme	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>1000</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Risultati della ricerca BLAST:

Query = **ggcatcgtggagcagtgcaccagcatctgttcctctaccagctggagaactactgcaac**

Length = 63

#### ATTENZIONE:

Dalla ricerca Blast risultano **849** sequenze che evidenziano **allineamenti significativi** con la **Catena A dell'Insulina**. Data l'estrema numerosità dei risultati ottenuti, si è preferito riportare **solo quelle sequenze** che riguardano le **stesse specie di "organismi"** identificati dagli allineamenti significativi delle **sequenze di 19 nuove ricerche Blast**. Queste nuove ricerche si riferiscono a **19 sequenze di 63** basi di DNA generate dalla **TEORIA TRICROMATICA DELL'EQUILIBRIO DEI SISTEMI (T.T.E.S.)**, attraverso l'analisi e la modificazione della sequenza originaria della **Catena A dell'Insulina** e nel rispetto fedele dei loro **19 diversi "trend non manifesti"**.

Sono stati evidenziati in **Rosso** **"gli organismi trovati essere in comune"** tra i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata **solo su una** delle *19 sequenze generate*.

Inoltre, sono stati evidenziati in **Verde** **"gli organismi trovati essere in comune"** tra i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate **su più di una** delle *19 sequenze generate*.

Infine, è stata evidenziata in **Giallo**, **"la denominazione della sequenza"** (1/1, 2/1, ... 19/1) **"dell'organismo trovato essere in comune"** tra i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

(1) National Center for Biotechnology Information (NCBI)[Internet]. Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information; [1988]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_020883287.1 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> insulin (LOC110130982), transcript variant X2, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_020883287.1</a>
XM_020883286.1 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> insulin (LOC110130982), transcript variant X1, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_020883286.1</a>
XM_015434180.1 <b>2/1 3/1 8/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_015434180.1</a>
XM_015113354.1 <b>2/1 3/1 8/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> insulin (INS), mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_015113354.1</a>
XM_011721319.1 <b>2/1 3/1 8/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X4, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_011721319.1</a>
XM_011721318.1 <b>2/1 3/1 8/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_011721318.1</a>
XM_011721317.1 <b>2/1 3/1 8/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_011721317.1</a>
XM_011721316.1 <b>2/1 3/1 8/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_011721316.1</a>
XM_012041172.1 <b>10/1 12/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_012041172.1</a>
XM_012041171.1 <b>10/1 12/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_012041171.1</a>
XM_012041169.1 <b>10/1 12/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_012041169.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_008004634.1 8/1	PREDICTED: <b>Chlorocebus sabaesus</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_008004634.1</a>
XM_008004561.1 8/1	PREDICTED: <b>Chlorocebus sabaesus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">XM_008004561.1</a>
NM_001284919.1 2/1 3/1 8/1 17/1	<b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), mRNA	110	110	100%	6e-21	98%	<a href="#">NM_001284919.1</a>
XM_021152514.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA	105	105	100%	8e-20	97%	<a href="#">XM_021152514.1</a>
DQ250565.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds	105	105	100%	8e-20	97%	<a href="#">DQ250565.1</a>
XM_022507720.1 1/1	PREDICTED: <b>Enhydra lutris kenyoni</b> insulin (LOC111150279), mRNA	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">XM_022507720.1</a>
XM_021685179.1 1/1	PREDICTED: <b>Neomonachus schauinslandi</b> insulin (INS), mRNA	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">XM_021685179.1</a>
XM_021215010.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">XM_021215010.1</a>
NM_008386.4 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">NM_008386.4</a>
XM_012743999.1 9/1	PREDICTED: <b>Microcebus murinus</b> insulin (INS), mRNA	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">XM_012743999.1</a>
XM_006910977.1 17/1	PREDICTED: <b>Pteropus alecto</b> insulin (LOC102881117), mRNA	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">XM_006910977.1</a>
XM_006750095.1 1/1	PREDICTED: <b>Leptonychotes weddellii</b> insulin (INS), mRNA	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">XM_006750095.1</a>
BC145868.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">BC145868.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
DQ250563.1 <b>17/1</b>	<b>Rattus</b> losea preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">DQ250563.1</a>
DQ479923.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">DQ479923.1</a>
AC163452.12 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-405C7, complete sequence	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">AC163452.12</a>
AC136710.8 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-35B13, complete sequence	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">AC136710.8</a>
AC140320.2 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">AC140320.2</a>
BC098468.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">BC098468.1</a>
AK148541.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">AK148541.1</a>
AK007345.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">AK007345.1</a>
X04725.1 <b>8/1 10/1 13/1 17/1</b>	<b>Mouse</b> preproinsulin gene I	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">X04725.1</a>
J02547.1 <b>8/1 17/1</b>	<b>Human</b> (synthetic) insulin gene, complete cds	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">J02547.1</a>
M31026.1 <b>8/1 17/1</b>	Synthetic <b>human</b> insulin B and mini-C chains using deactivated silica gel chromatography	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">M31026.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
V00082.1 <b>8/1 17/1</b>	Artificial gene for <b>human</b> proinsulin	101	101	100%	3e-18	95%	<a href="#">V00082.1</a>
XM_005351571.2 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Microtus ochrogaster</b> insulin (Ins), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_005351571.2</a>
XM_028118258.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Eumetopias jubatus</b> insulin (LOC114220406), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_028118258.1</a>
XM_027579931.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Zalophus californianus</b> insulin (INS), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_027579931.1</a>
XM_025879485.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Callorhinus ursinus</b> insulin (LOC112829807), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_025879485.1</a>
XM_023654706.1 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Equus caballus</b> insulin (INS), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_023654706.1</a>
XM_021168754.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_021168754.1</a>
XM_021168753.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_021168753.1</a>
AH002190.2 <b>17/1</b>	<b>Rattus norvegicus</b> insulin 2 (INS2) gene, complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AH002190.2</a>
NM_001185084.2 <b>1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">NM_001185084.2</a>
NM_001185083.2 <b>1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">NM_001185083.2</a>
NM_008387.5 <b>1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">NM_008387.5</a>
XM_004403802.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Odobenus rosmarus divergens</b> insulin (INS), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_004403802.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
JN959239.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">JN959239.1</a>
JN951270.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">JN951270.1</a>
FQ231224.1 17/1	<b>Rattus norvegicus</b> TL0AEA77YF17 mRNA sequence	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">FQ231224.1</a>
NM_019129.3 17/1	<b>Rattus norvegicus</b> insulin 1 (Ins1), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">NM_019129.3</a>
NM_019130.2 17/1	<b>Rattus norvegicus</b> insulin 2 (Ins2), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">NM_019130.2</a>
BC145554.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">BC145554.1</a>
BC099934.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">BC099934.1</a>
BC132650.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">BC132650.1</a>
DQ250572.1 1/1	<b>Microtus</b> kikuchii preproinsulin (Ins) gene, complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">DQ250572.1</a>
DQ250569.1 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">DQ250569.1</a>
DQ250567.1 17/1	<b>Rattus</b> losea preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">DQ250567.1</a>
AC098563.6 17/1	<b>Rattus norvegicus</b> 1 BAC CH230-123A15 (Children's Hospital Oakland Research Institute) complete sequence	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AC098563.6</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
AK007612.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AK007612.1</a>
AK007482.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AK007482.1</a>
BC066208.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">BC066208.1</a>
AC012382.14 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AC012382.14</a>
X04724.1 <b>8/1 10/1 13/1</b> <b>17/1</b>	<b>Mouse</b> preproinsulin gene II	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">X04724.1</a>
AY899305.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AY899305.1</a>
AC013548.13 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AC013548.13</a>
AP003182.2 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">AP003182.2</a>
M12913.1 <b>8/1 17/1</b>	Synthetic <b>human</b> proinsulin gene, complete cds	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">M12913.1</a>
GQ915612.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced	95.1	95.1	98%	1e-16	94%	<a href="#">GQ915612.1</a>



Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_027409202.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Cricetulus griseus</b> insulin (Ins), mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">XM_027409202.1</a>
XM_013112606.2 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Mesocricetus auratus</b> insulin (Ins), mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">XM_013112606.2</a>
XM_021204833.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">XM_021204833.1</a>
XM_021204825.1 <b>1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">XM_021204825.1</a>
LT733283.1 <b>8/1 17/1</b>	<b>Human</b> ORFeome Gateway entry vector pENTR223-INS, complete sequence	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">LT733283.1</a>
AH002844.2 <b>2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) gene, complete cds	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AH002844.2</a>
AH012037.2 <b>2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; insulin (INS) gene, complete cds; and insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, partial sequence	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AH012037.2</a>
AH011814.2 <b>6/1</b>	<b>Pan troglodytes</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial cds; and insulin precursor (INS) gene, complete cds	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AH011814.2</a>
XM_016919751.1 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Pan troglodytes</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">XM_016919751.1</a>
NG_050578.1 <b>2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">NG_050578.1</a>
KR710184.1 <b>2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010257 INS (INS) mRNA, encodes complete protein	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">KR710184.1</a>
KR710183.1 <b>2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010256 INS (INS) mRNA, encodes complete protein	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">KR710183.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
KR710182.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010255 INS (INS) mRNA, encodes complete protein	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">KR710182.1</a>
KJ891480.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone ccsbBroadEn_00874 INS gene, encodes complete protein	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">KJ891480.1</a>
NM_001291897.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 4, mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">NM_001291897.1</a>
XM_003508080.2 1/1	PREDICTED: <b>Cricetulus griseus</b> insulin (Ins), mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">XM_003508080.2</a>
JQ951950.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> preproinsulin (INS) mRNA, complete cds	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">JQ951950.1</a>
JF909299.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) mRNA, partial cds	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">JF909299.1</a>
AB587580.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct DNA, clone: pF1KB8864, <b>Homo sapiens</b> INS gene for insulin, without stop codon, in Flexi system	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AB587580.1</a>
NM_001185098.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 3, mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">NM_001185098.1</a>
NM_001185097.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">NM_001185097.1</a>
NM_001008996.2 6/1	<b>Pan troglodytes</b> insulin (INS), mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">NM_001008996.2</a>
NG_007114.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">NG_007114.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
DQ778082.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> clone BFC06103 insulin mRNA, complete cds7	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">DQ778082.1</a>
DQ896283.2 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone IMAGE:100010743; FLH192918.01L; RZPDo839A1068D insulin (INS) gene, encodes complete protein	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">DQ896283.2</a>
NM_000207.2 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">NM_000207.2</a>
BT007778.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, partial cds	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">BT007778.1</a>
BT006808.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, complete cds	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">BT006808.1</a>
BC005255.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:12292 IMAGE:3950204), complete cds	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">BC005255.1</a>
AC132217.15 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-889I17, complete sequence	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AC132217.15</a>
X61089.1 6/1	<b>P.troglodytes</b> gene for preproinsulin	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">X61089.1</a>
AC130303.8 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AC130303.8</a>
AY899304.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AY899304.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
AJ009655.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> ins gene, partial	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">AJ009655.1</a>
X70508.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> mRNA for insulinoma pre-proinsulin	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">X70508.1</a>
L15440.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complete cds; insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, 5' end	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">L15440.1</a>
M10039.1 8/1 17/1	<b>Human</b> alpha-type insulin gene and 5' flanking polymorphic region	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">M10039.1</a>
V00565.1 8/1 17/1	<b>Human</b> gene for preproinsulin, from chromosome 11. Includes a highly polymorphic region upstream from the insulin gene containing tandemly repeated sequences	92.4	92.4	100%	2e-15	92%	<a href="#">V00565.1</a>
KR710185.1 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010262 INS (INS) mRNA, encodes complete protein	90.6	90.6	98%	6e-15	92%	<a href="#">KR710185.1</a>
XM_027959829.1 6/1 14/1 17/1	PREDICTED: <b>Ovis aries</b> insulin (INS), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_027959829.1</a>
XM_027868681.1 6/1	PREDICTED: <b>Vombatus ursinus</b> insulin (INS), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_027868681.1</a>
XM_027532448.1 3/1 4/1 8/1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> insulin (INS), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_027532448.1</a>
XM_015461330.2 3/1 4/1 8/1	PREDICTED: <b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_015461330.2</a>
CP027097.1 3/1 4/1 8/1	<b>Bos mutus isolate yakQHI</b> chromosome 29	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">CP027097.1</a>
XM_020970881.1 6/1	PREDICTED: <b>Phascolarctos cinereus</b> insulin (INS), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_020970881.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_019954732.1 3/1 4/1 8/1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_019954732.1</a>
XM_019954731.1 3/1 4/1 8/1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_019954731.1</a>
M54979.2 3/1 4/1 8/1	<b>Bos taurus</b> insulin precursor, mRNA, complete cds	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">M54979.2</a>
AH005355.3 6/1 14/1 17/1	<b>Ovis aries</b> insulin and insulin-like growth factor II (IGF-II) genes, complete cds	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">AH005355.3</a>
XM_012167536.2 6/1 14/1 17/1	PREDICTED: <b>Ovis aries</b> musimon insulin (LOC105613195), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_012167536.2</a>
XM_005903505.2 3/1 4/1 8/1	PREDICTED: <b>Bos mutus</b> insulin (LOC102274400), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_005903505.2</a>
XM_006893212.1 1/1	PREDICTED: <b>Elephantulus edwardii</b> insulin (INS), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_006893212.1</a>
JX041514.1 3/1 4/1 8/1	<b>Bos taurus</b> proinsulin mRNA, partial cds	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">JX041514.1</a>
NM_001185126.1 3/1 4/1 8/1	<b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">NM_001185126.1</a>
NM_173926.2 3/1 4/1 8/1	<b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">NM_173926.2</a>
EU518675.1 3/1 4/1 8/1	<b>Bos taurus</b> insulin (INS) and insulin-like growth factor 2 (IGF2) genes, complete cds	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">EU518675.1</a>
BC142034.1 3/1 4/1 8/1	<b>Bos taurus</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:159719 IMAGE:8631936), complete cds	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">BC142034.1</a>
XM_006860809.1 11/1	PREDICTED: <b>Chrysochloris asiatica</b> insulin (INS), mRNA	83.3	83.3	100%	9e-13	89%	<a href="#">XM_006860809.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_019811180.2 <b>19/1</b>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	74.3	74.3	100%	5e-10	86%	<a href="#">XM_019811180.2</a>
NM_001009272.1 <b>19/1</b>	<b>Felis catus</b> insulin (INS), mRNA	74.3	74.3	100%	5e-10	86%	<a href="#">NM_001009272.1</a>
AY986822.1 <b>19/1</b>	<b>Felis catus</b> preproinsulin mRNA, partial cds	74.3	74.3	100%	5e-10	86%	<a href="#">AY986822.1</a>
AF050524.1 <b>2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	Synthetic <b>Homo sapiens</b> proinsulin-like protein BKRA gene, complete cds	74.3	74.3	100%	5e-10	86%	<a href="#">AF050524.1</a>
AB501190.1 <b>8/1 17/1</b>	Synthetic construct hpi gene for <b>human</b> M-proinsulin, complete cds	69.8	69.8	100%	6e-09	84%	<a href="#">AB501190.1</a>
XM_024208870.1 <b>16/1</b>	PREDICTED: <b>Terrapene mexicana triunguis</b> insulin (INS), mRNA	63.5	63.5	98%	8e-07	82%	<a href="#">XM_024208870.1</a>
XM_024102171.1 <b>16/1</b>	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA	63.5	63.5	98%	8e-07	82%	<a href="#">XM_024102171.1</a>
XM_005312381.2 <b>16/1</b>	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	63.5	63.5	98%	8e-07	82%	<a href="#">XM_005312381.2</a>
XM_027651359.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA	60.8	60.8	100%	3e-06	81%	<a href="#">XM_027651359.1</a>
XM_027651356.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA	60.8	60.8	100%	3e-06	81%	<a href="#">XM_027651356.1</a>
XM_027651355.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA	60.8	60.8	100%	3e-06	81%	<a href="#">XM_027651355.1</a>
J02544.1 <b>8/1 17/1</b>	<b>Human</b> insulin A chain gene (synthetic)	60.8	60.8	100%	3e-06	81%	<a href="#">J02544.1</a>
XM_006134914.3 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Pelodiscus sinensis</b> insulin (INS), mRNA	59.0	59.0	98%	1e-05	81%	<a href="#">XM_006134914.3</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
LR535846.1 <b>17/1</b>	<b>Mastacembelus armatus</b> genome assembly, chromosome: 14	56.3	56.3	100%	1e-04	79%	<a href="#">LR535846.1</a>
XM_026329134.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Mastacembelus armatus</b> insulin (LOC113143484), mRNA	56.3	56.3	100%	1e-04	79%	<a href="#">XM_026329134.1</a>
<b>LR131921.1</b> <b>4/1 6/1 7/1</b> <b>16/1 18/1 19/1</b>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14	55.4	55.4	100%	1e-04	81%	<a href="#">LR131921.1</a>
CP032586.1 <b>14/1 16/1 17/1</b>	<b>Lateolabrax maculatus</b> linkage group 12 sequence	55.4	55.4	100%	1e-04	81%	<a href="#">CP032586.1</a>
CP027266.1 <b>14/1 16/1 17/1</b>	<b>Lateolabrax maculatus</b> chromosome Lm5	55.4	55.4	100%	1e-04	81%	<a href="#">CP027266.1</a>
XM_022744743.1 <b>10/1</b>	PREDICTED: <b>Seriola</b> <b>dumerili</b> insulin (ins), mRNA	55.4	55.4	100%	1e-04	81%	<a href="#">XM_022744743.1</a>
AB262771.1 <b>10/1</b>	<b>Seriola dumerili</b> mRNA for insulin, complete cds, subtype 2	55.4	55.4	100%	1e-04	81%	<a href="#">AB262771.1</a>
XM_019069183.1 <b>4/1 6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Cyprinus</b> <b>carpio</b> insulin-like (LOC109051698), mRNA	52.7	52.7	96%	0.002	79%	<a href="#">XM_019069183.1</a>
LN590733.1 <b>4/1 6/1 17/1</b>	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000000053	52.7	103	96%	0.002	79%	<a href="#">LN590733.1</a>
XM_026092712.1 <b>9/1 14/1</b>	PREDICTED: <b>Dromaius</b> <b>novaehollandiae</b> insulin (INS), mRNA	51.8	51.8	100%	0.002	78%	<a href="#">XM_026092712.1</a>
XM_026079009.1 <b>5/1 6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Apteryx</b> rowi insulin (INS), mRNA	51.8	51.8	100%	0.002	78%	<a href="#">XM_026079009.1</a>
XM_026036815.1 <b>9/1 14/1</b>	PREDICTED: <b>Nothoprocta perdicaria</b> insulin (INS), mRNA	51.8	51.8	100%	0.001	78%	<a href="#">XM_026036815.1</a>
XM_022221651.1 <b>8/1</b>	PREDICTED: <b>Acanthochromis</b> <b>polyacanthus</b> insulin (ins), mRNA	51.8	51.8	100%	0.001	78%	<a href="#">XM_022221651.1</a>
XM_020661338.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Labrus</b> <b>bergylta</b> insulin-like (LOC110006110), mRNA	51.8	51.8	100%	0.001	78%	<a href="#">XM_020661338.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_020648941.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> insulin-like (LOC109995271), mRNA	51.8	51.8	100%	0.001	78%	<a href="#">XM_020648941.1</a>
XM_013957848.1 <b>5/1 6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Apteryx australis mantelli</b> insulin (INS), mRNA	51.8	51.8	100%	0.001	78%	<a href="#">XM_013957848.1</a>
LK064676.1 <b>5/1 6/1 17/1</b>	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold77	51.8	51.8	100%	0.001	78%	<a href="#">LK064676.1</a>
XM_008298714.1 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> insulin (LOC103369873), mRNA	51.8	51.8	100%	0.001	78%	<a href="#">XM_008298714.1</a>
XM_023968633.1 <b>9/1</b>	PREDICTED: <b>Salvelinus alpinus</b> insulin (LOC111950763), mRNA	50.9	50.9	100%	0.005	80%	<a href="#">XM_023968633.1</a>
BT049386.1 <b>4/1</b>	<b>Salmo salar</b> clone ssal-rgb2-569-154 Insulin precursor putative mRNA, complete cds	50.9	50.9	100%	0.005	80%	<a href="#">BT049386.1</a>
LR132016.1 <b>4/1 10/1 17/1</b>	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 14	47.3	47.3	100%	0.065	76%	<a href="#">LR132016.1</a>
CP026246.1 <b>10/1 13/1 17/1</b>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 4	47.3	47.3	100%	0.065	76%	<a href="#">CP026246.1</a>
XM_020629757.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> insulin-like (LOC109981109), mRNA	47.3	47.3	100%	0.065	76%	<a href="#">XM_020629757.1</a>
LR131917.1 <b>4/1 6/1 7/1 16/1 18/1 19/1</b>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 10	46.4	46.4	100%	0.065	78%	<a href="#">LR131917.1</a>
XM_020615193.1 <b>15/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin (LOC109968712), mRNA	46.4	46.4	100%	0.065	78%	<a href="#">XM_020615193.1</a>



Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_020111207.1 4/1	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> insulin-like (LOC109645588), mRNA	46.4	46.4	100%	0.065	78%	<a href="#">XM_020111207.1</a>
XM_020108849.1 4/1	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> insulin (ins), transcript variant X2, mRNA	46.4	46.4	100%	0.065	78%	<a href="#">XM_020108849.1</a>
XM_020108848.1 4/1	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> insulin (ins), transcript variant X1, mRNA	46.4	46.4	100%	0.065	78%	<a href="#">XM_020108848.1</a>
XM_014198195.1 4/1	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> insulin-like (LOC106603941), mRNA	46.4	46.4	100%	0.065	78%	<a href="#">XM_014198195.1</a>
XM_020599783.1 15/1 17/1	PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin-like (LOC109959979), mRNA	44.6	44.6	93%	0.23	76%	<a href="#">XM_020599783.1</a>
XM_008302867.1 6/1	PREDICTED: <b>Stegastes</b> <b>partitus</b> circularly permutated Ras protein 1- like (LOC103373066), transcript variant X2, mRNA	44.6	44.6	46%	0.23	93%	<a href="#">XM_008302867.1</a>
XM_008302866.1 6/1	PREDICTED: <b>Stegastes</b> <b>partitus</b> circularly permutated Ras protein 1- like (LOC103373066), transcript variant X1, mRNA	44.6	44.6	46%	0.23	93%	<a href="#">XM_008302866.1</a>
AC021233.9 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-215H22, complete sequence	43.7	43.7	41%	0.79	96%	<a href="#">AC021233.9</a>
LR132049.1 15/1	<b>Anabas testudineus</b> genome assembly, chromosome: 19	42.8	42.8	69%	0.79	82%	<a href="#">LR132049.1</a>
LR132037.1 15/1	<b>Anabas testudineus</b> genome assembly, chromosome: 10	42.8	84.6	100%	0.79	75%	<a href="#">LR132037.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_026357607.1 <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> insulin (LOC113160385), mRNA	42.8	42.8	100%	0.79	75%	<a href="#">XM_026357607.1</a>
XM_022190895.1 <b>8/1</b>	PREDICTED: <b>Acanthochromis polyacanthus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC110949057), mRNA	42.8	42.8	44%	0.79	93%	<a href="#">XM_022190895.1</a>
XM_020637557.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC109986768), transcript variant X2, mRNA	42.8	42.8	44%	0.79	93%	<a href="#">XM_020637557.1</a>
XM_020637556.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC109986768), transcript variant X1, mRNA	42.8	42.8	44%	0.79	93%	<a href="#">XM_020637556.1</a>
LR535851.1 <b>17/1</b>	<b>Mastacembelus armatus</b> genome assembly, chromosome: 19	41.9	41.9	39%	2.8	96%	<a href="#">LR535851.1</a>
XM_026357435.1 <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> insulin-like (LOC113160265), mRNA	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">XM_026357435.1</a>
XM_026351068.1 <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113156131), transcript variant X3, mRNA	41.9	41.9	39%	2.8	96%	<a href="#">XM_026351068.1</a>
XM_026351067.1 <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113156131), transcript variant X2, mRNA	41.9	41.9	39%	2.8	96%	<a href="#">XM_026351067.1</a>
XM_026351066.1 <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113156131), transcript variant X1, mRNA	41.9	41.9	39%	2.8	96%	<a href="#">XM_026351066.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XM_026315125.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Mastacembelus armatus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113135260), transcript variant X2, mRNA	41.9	41.9	39%	2.8	96%	<a href="#">XM_026315125.1</a>
XM_026315124.1 <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Mastacembelus armatus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113135260), transcript variant X1, mRNA	41.9	41.9	39%	2.8	96%	<a href="#">XM_026315124.1</a>
XM_017440672.2 <b>12/1</b>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> insulin (LOC108250678), mRNA	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">XM_017440672.2</a>
XM_024402922.1 <b>6/1 10/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus tshawytscha</b> insulin-like (LOC112234674), mRNA	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">XM_024402922.1</a>
XM_024402921.1 <b>6/1 10/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus tshawytscha</b> insulin-like (LOC112234673), mRNA	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">XM_024402921.1</a>
CP026880.1 <b>1/1 18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> sp. LHIG9 chromosome, complete genome	41.9	41.9	41%	2.8	96%	<a href="#">CP026880.1</a>
<b>CP025263.1</b> <b>1/1 18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> sp. S09G 359 chromosome	41.9	41.9	41%	2.8	96%	<a href="#">CP025263.1</a>
XM_023240193.1 <b>19/1</b>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X2, mRNA	41.9	41.9	95%	2.8	75%	<a href="#">XM_023240193.1</a>
XM_023240192.1 <b>19/1</b>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X1, mRNA	41.9	41.9	95%	2.8	75%	<a href="#">XM_023240192.1</a>
XM_020591214.1 <b>15/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin-like (LOC109955249), mRNA	41.9	41.9	95%	2.8	75%	<a href="#">XM_020591214.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
CP018420.1 <b>1/1 18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> veronii strain R02, complete genome	41.9	41.9	41%	2.8	96%	<a href="#">CP018420.1</a>
XM_020464884.1 <b>6/1 10/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus kisutch</b> insulin-like (LOC109873252), mRNA	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">XM_020464884.1</a>
XM_019812848.1 <b>19/1</b>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X4, mRNA	41.9	41.9	95%	2.8	75%	<a href="#">XM_019812848.1</a>
XM_019812847.1 <b>19/1</b>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X3, mRNA	41.9	41.9	95%	2.8	75%	<a href="#">XM_019812847.1</a>
LT599583.1 <b>1/1 18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> veronii 1YdBTEX2 genome assembly, chromosome: PVE_r1	41.9	41.9	41%	2.8	96%	<a href="#">LT599583.1</a>
XM_008278129.1 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> insulin-like (LOC103354683), mRNA	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">XM_008278129.1</a>
NM_001124670.1 <b>6/1 10/1 17/1</b>	<b>Oncorhynchus mykiss</b> preproinsulin 2 (LOC100136703), mRNA	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">NM_001124670.1</a>
L11712.1 <b>6/1 10/1 17/1</b>	<b>Oncorhynchus keta</b> insulin gene, complete cds	41.9	41.9	100%	2.8	77%	<a href="#">L11712.1</a>
CP026255.1 <b>10/1 13/1 17/1</b>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 13	41.0	41.0	100%	2.8	75%	<a href="#">CP026255.1</a>
XM_017419715.2 <b>12/1</b>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> insulin-like (LOC108237967), mRNA	41.0	41.0	100%	2.8	75%	<a href="#">XM_017419715.2</a>
XM_022206846.1 <b>8/1</b>	PREDICTED: <b>Acanthochromis polyacanthus</b> insulin-like (LOC110959849), mRNA	41.0	41.0	95%	2.8	77%	<a href="#">XM_022206846.1</a>
CP034516.1 <b>2/1 17/1</b>	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 13	40.1	80.1	76%	9.6	96%	<a href="#">CP034516.1</a>
CP034491.1 <b>2/1 17/1</b>	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 13	40.1	80.1	76%	9.6	96%	<a href="#">CP034491.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
XR_002314985.1 <b>6/1</b>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> uncharacterized LOC110141110 (LOC110141110), transcript variant X3, ncRNA	40.1	40.1	46%	9.6	90%	<a href="#">XR_002314985.1</a>
XM_014136745.1 <b>4/1</b>	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> insulin (LOC106567474), mRNA	40.1	40.1	90%	9.6	78%	<a href="#">XM_014136745.1</a>
BT049203.1 <b>4/1</b>	<b>Salmo salar</b> clone ssal-plnb-020-217 Insulin precursor putative mRNA, complete cds	40.1	40.1	90%	9.6	78%	<a href="#">BT049203.1</a>
BT046764.1 <b>4/1</b>	<b>Salmo salar</b> clone ssal-plnb-013-055 Insulin precursor putative mRNA, complete cds	40.1	40.1	90%	9.6	78%	<a href="#">BT046764.1</a>
AC149665.2 <b>3/1 4/1 8/1</b>	<b>Bos taurus</b> BAC CH240-60O13 (Children's Hospital Oakland Research Institute Bovine BAC Library (male)) complete sequence	40.1	40.1	46%	9.6	90%	<a href="#">AC149665.2</a>
AL354999.17 <b>8/1 17/1</b>	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP11-531B22 on chromosome 13, complete sequence	40.1	40.1	38%	9.6	96%	<a href="#">AL354999.17</a>
AL354896.16 <b>8/1 17/1</b>	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP11-512M17 on chromosome 13, complete sequence	40.1	40.1	38%	9.6	96%	<a href="#">AL354896.16</a>
AK024581.1 <b>2/1 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> cDNA: FLJ20928 fis, clone ADSE01074	40.1	40.1	38%	9.6	96%	<a href="#">AK024581.1</a>
LR132007.1 <b>4/1 10/1 17/1</b>	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 10	39.2	39.2	33%	9.6	100%	<a href="#">LR132007.1</a>
XM_022751952.1 <b>10/1</b>	PREDICTED: <b>Seriola dumerilii</b> insulin-like (LOC111226678), mRNA	39.2	39.2	33%	9.6	100%	<a href="#">XM_022751952.1</a>
LT594792.1 <b>9/1 17/1</b>	<b>Theobroma cacao</b> genome assembly, chromosome: V	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">LT594792.1</a>

**Analisi  
Completa della  
Sequenza n° 1/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.2 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 1/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 1 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 1 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

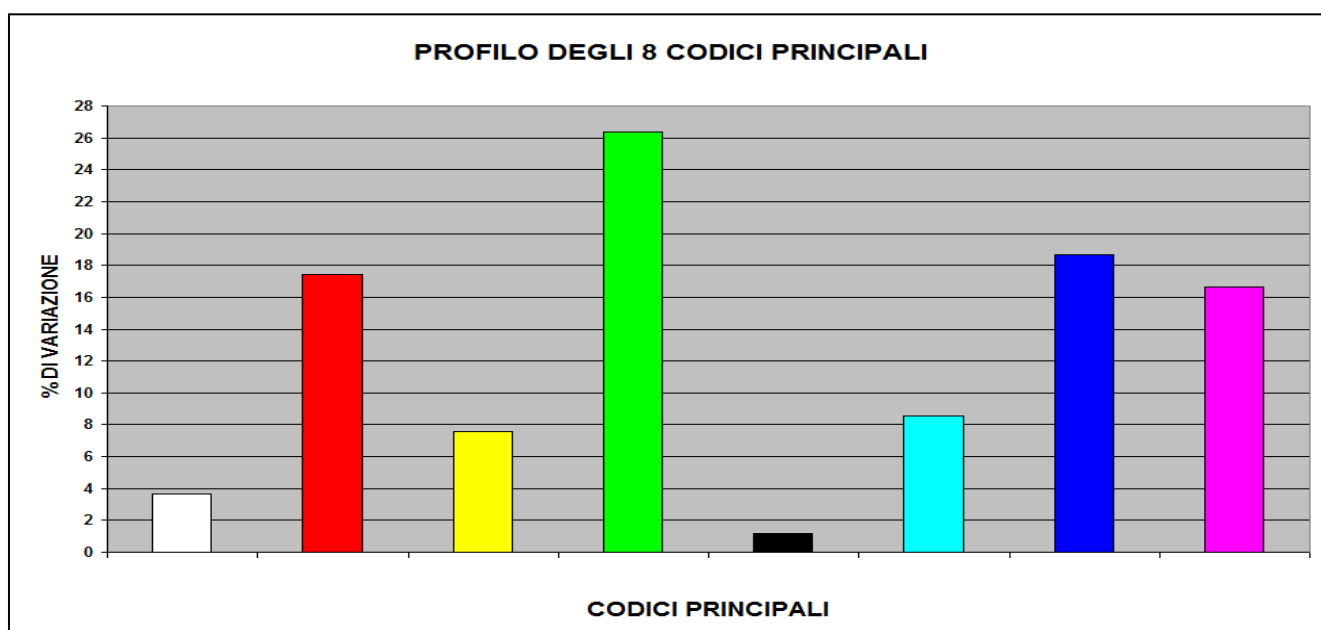


Fig. 1 (A)

Il grafico in Fig. 1 (B) si riferisce alla **prima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 1/1**) da quella originaria.

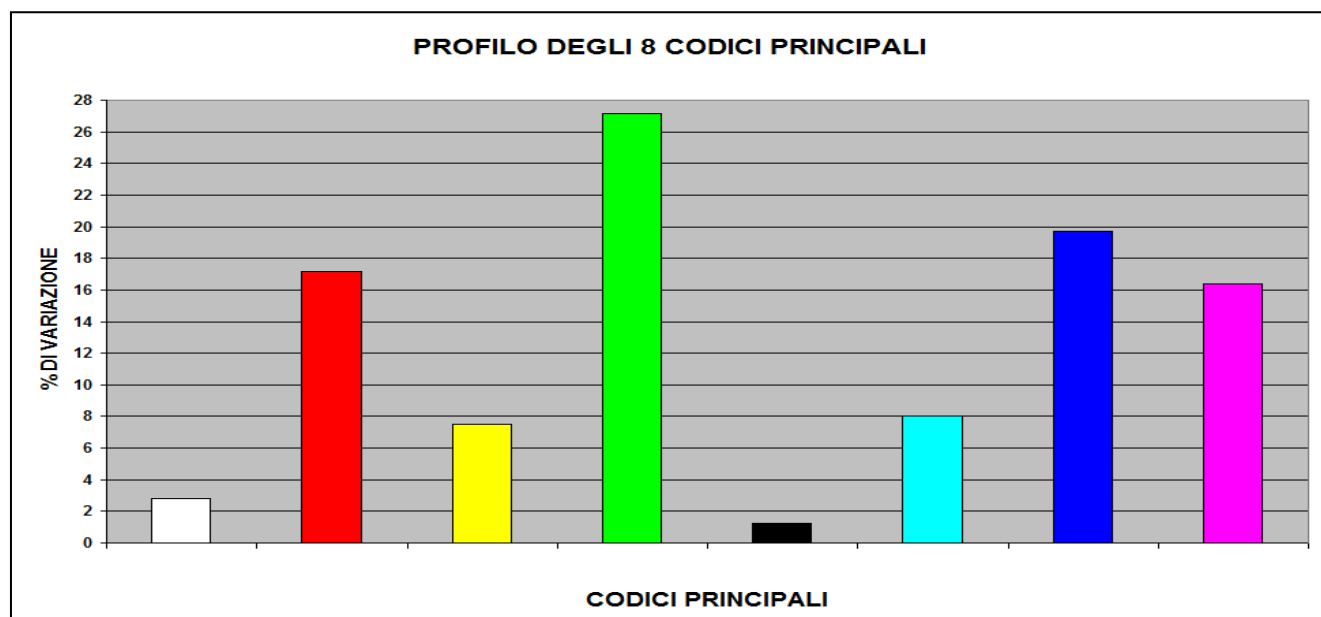
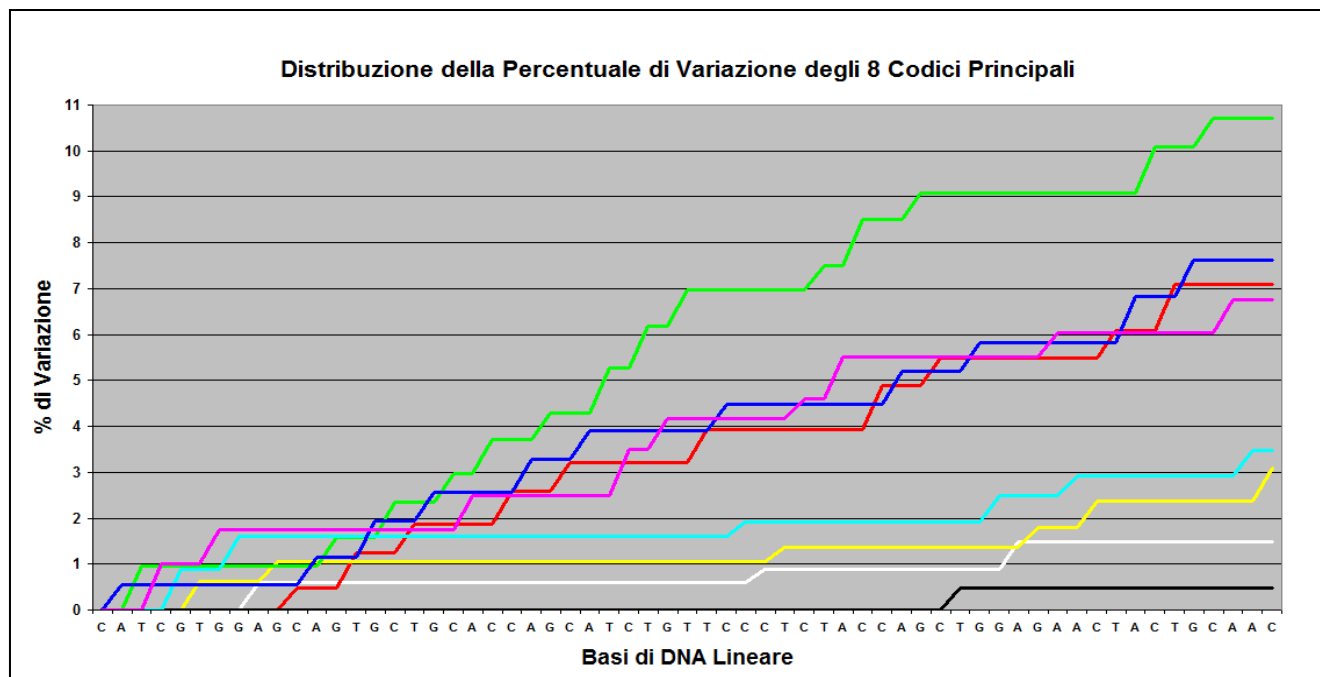


Fig. 1 (B)

Come si nota osservando i due grafici, i due **Profili degli 8 Codici Principali**, rispettivamente della **sequenza originaria** e della **nuova sequenza generata** da quella originaria, SONO QUASI IDENTICI.

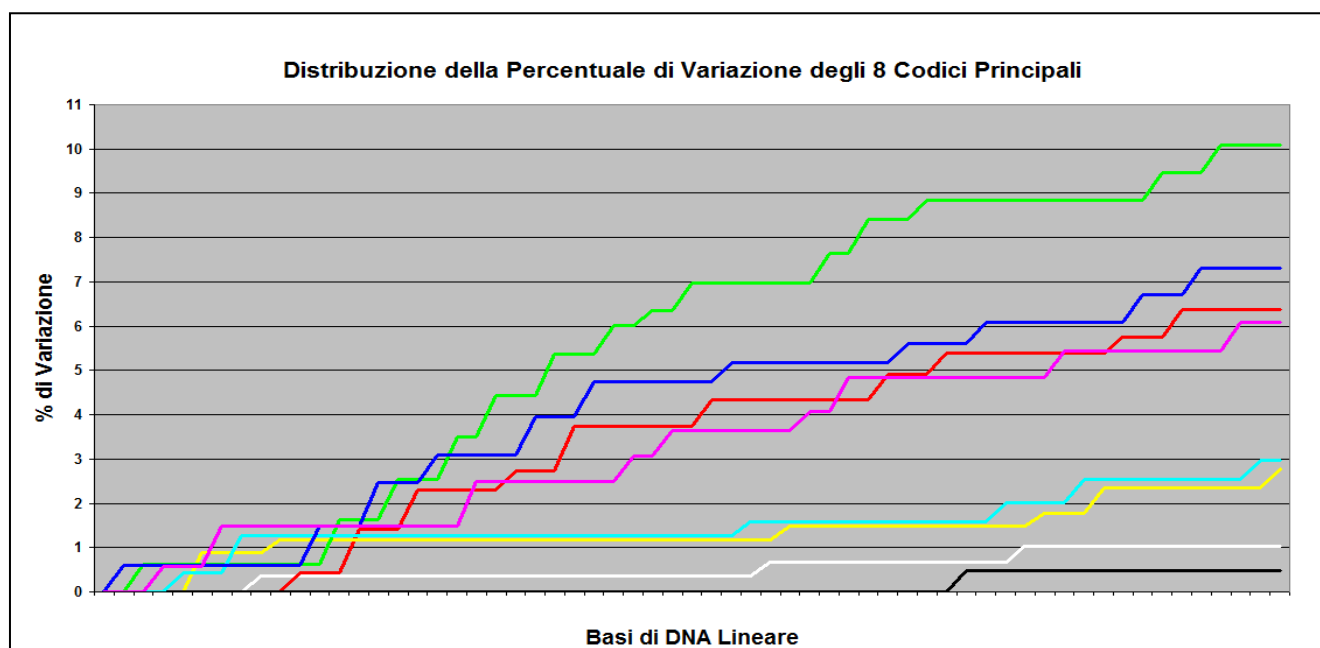
In Fig. 2 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 2 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 2 (A)**

Il grafico in Fig. 2 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



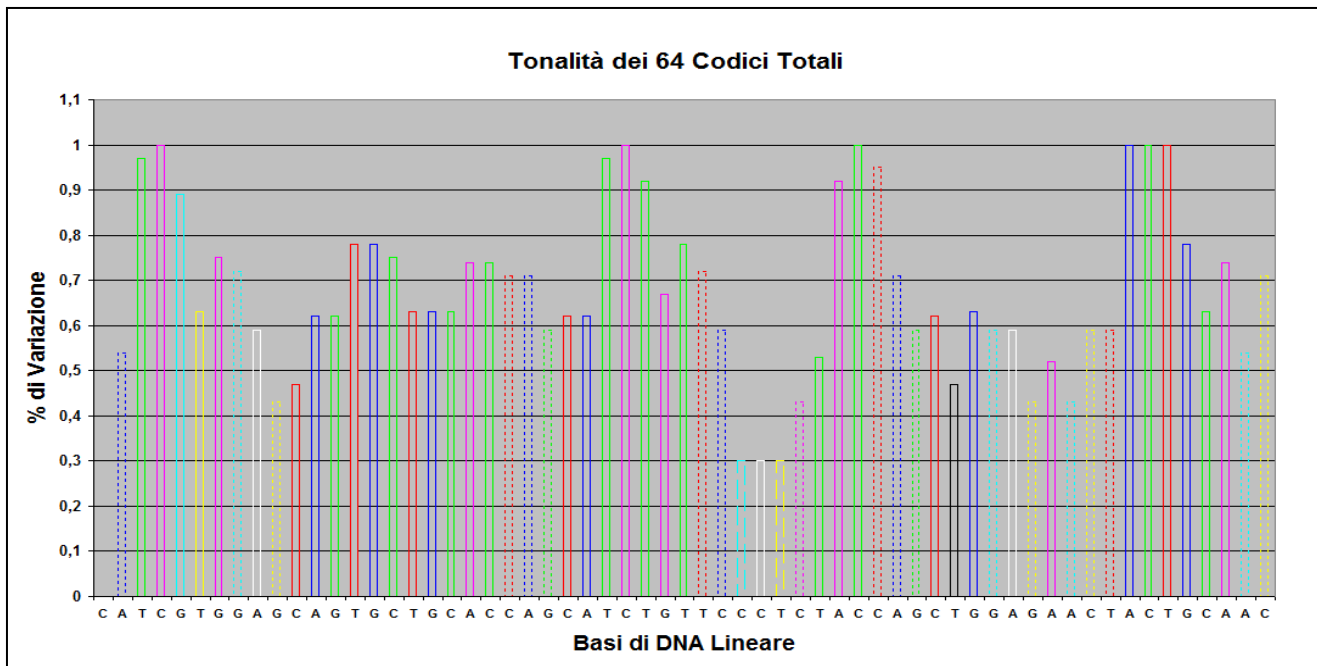
**Fig. 2 (B)**



Come per i due grafici della Fig. 1, anche in questo caso, i due grafici della **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**, rispettivamente della **sequenza originaria** e della **nuova sequenza generata** da quella originaria, SONO QUASI IDENTICI.

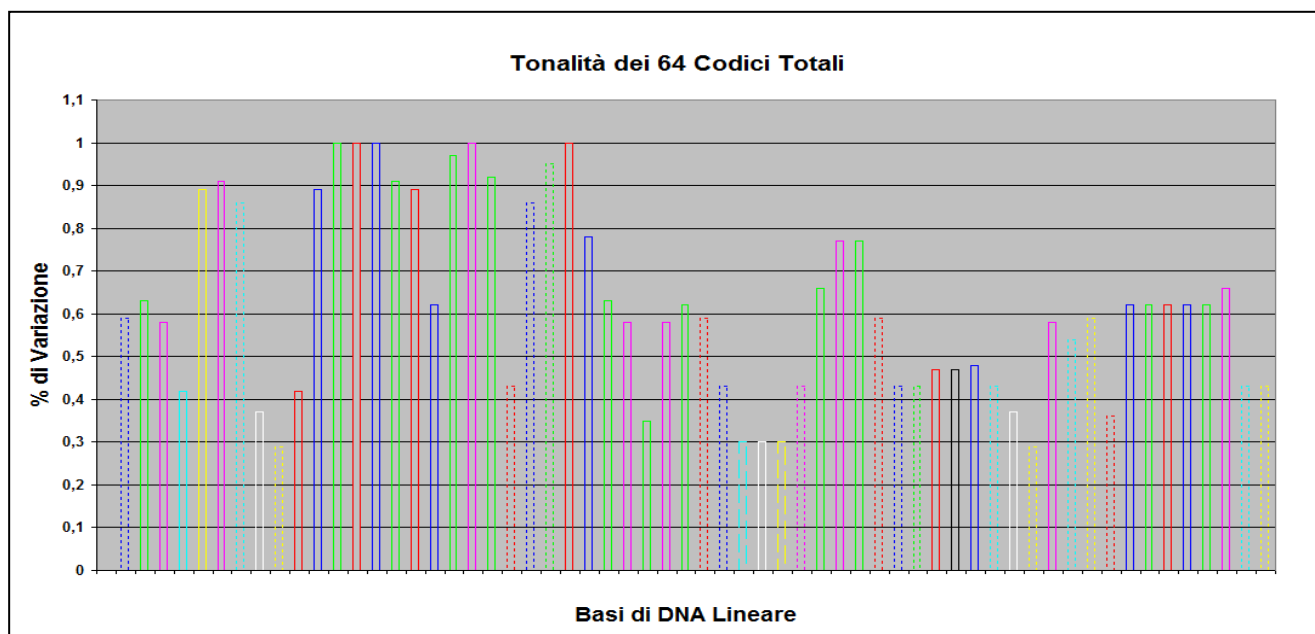
In Fig. 3 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 3 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 3 (A)**

Il grafico in Fig. 3 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.

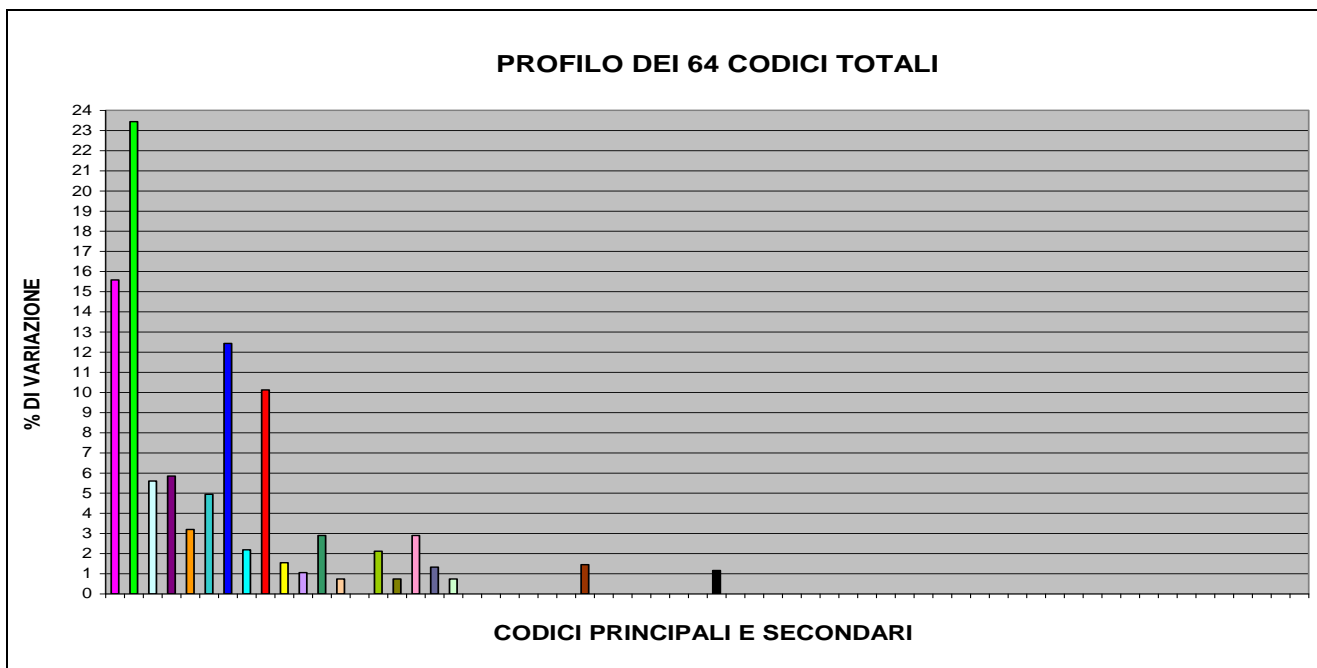


**Fig. 3 (B)**

A DIFFERENZA DEI GRAFICI PRECEDENTI, i due grafici delle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**, rispettivamente della **sequenza originaria** e della **nuova sequenza generata** da quella originaria, SONO MOLTO DIVERSI TRA LORO.

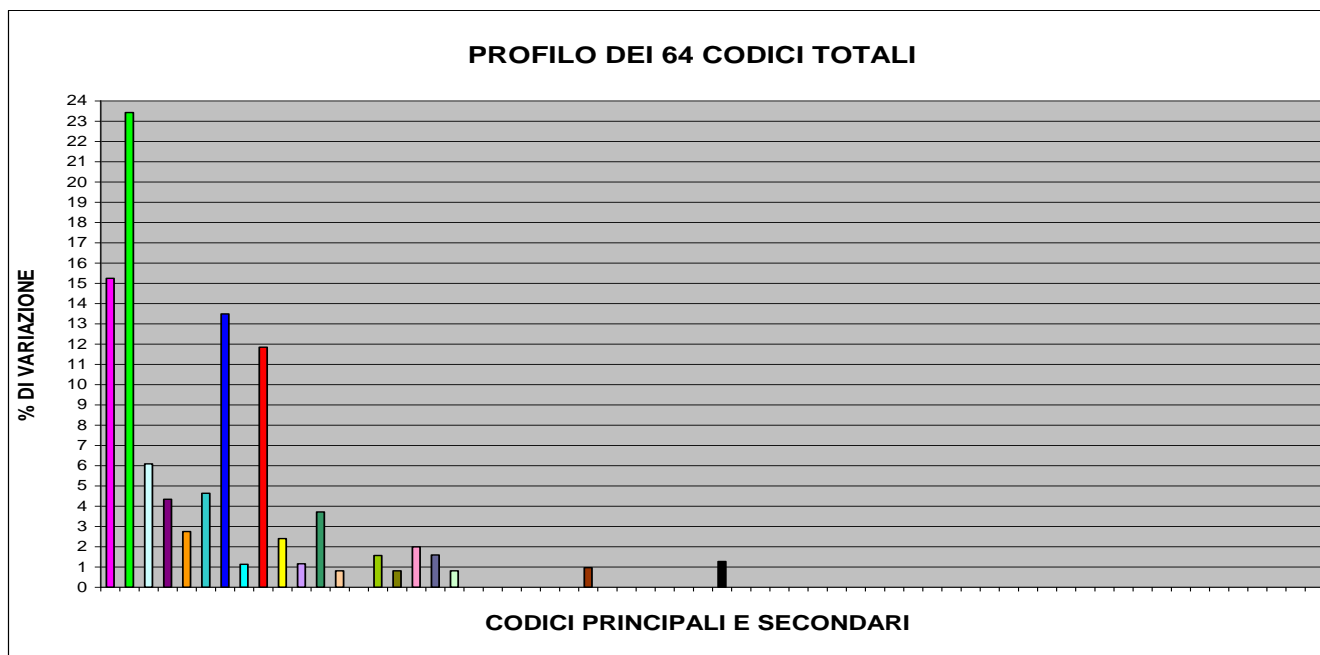
In Fig. 4 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 4 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 4 (A)**

Il grafico in Fig. 4 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 4 (B)**

A differenza dei due grafici precedenti, i due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**, rispettivamente della **sequenza originaria** e della **nuova sequenza generata** da quella originaria, SONO IN PARTE SIMILI.

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 1/1 della Catena A dell'Insulina** emerge che le differenze tra le “caratteristiche” della **sequenza originaria** e quelle della **nuova sequenza generata** da quella originaria sono evidenziate in maniera rilevante dai grafici delle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali** (Fig. 3 A e B).

Questo risultato è comprensibile se si considera che i grafici delle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali** (Fig. 3 A e B), rispetto agli altri grafici, sono *molto più sensibili alle singole basi delle sequenze* che al “trend non manifesto” delle sequenze stesse.

Anche i grafici relativi ai **Profili dei 64 Codici Totali** (Fig. 4 A e B) evidenziano delle differenze, ma esse sono meno evidenti rispetto a quelle emerse dall'analisi dei grafici delle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali** (Fig. 3 A e B).

Dagli altri grafici (Fig. 1 A e B, Fig. 2 A e B) emerge invece una quasi totale identità tra le “caratteristiche” della **sequenza originaria** e quelle della **nuova sequenza generata** da quella originaria.

Questo risultato è notevole se si considera che, delle **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata**, la **Sequenza n° 1/1**, **SOLTANTO QUATTORDICI BASI** (il **22,22%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

In conclusione, il grado di somiglianza delle “caratteristiche” della **nuova sequenza generata** alle “caratteristiche” della **sequenza originaria** è tanto maggiore quanto più simili sono rispettivamente i corrispondenti **Profili degli 8 Codici Principali** (Fig. 1 A e B) e quelli relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali** (Fig. 2 A e B), *grafici entrambi molto sensibili al “trend non manifesto” delle sequenze*.

### 1. 3 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 1/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 1/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

#### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 1/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 1/1)**

**Length = 63**

#### **Parametri della ricerca BLAST**

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

#### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 1/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 1/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 1/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 1/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 CP010359.1	<b>Pseudomonas</b> plecoglossicida strain NyZ12, complete genome	44.6	44.6	61%	0.22	85%	<a href="#">CP010359.1</a>
2 CP007620.1	<b>18/1</b> <b>Pseudomonas</b> <b>putida</b> strain DLL-E4, complete genome	44.6	44.6	61%	0.22	85%	<a href="#">CP007620.1</a>
3 XM_017200197.1	<b>15/1</b> PREDICTED: <b>Drosophila</b> ficusphila DNA topoisomerase 2-binding protein 1 (LOC108097709), mRNA	41.0	41.0	55%	2.7	89%	<a href="#">XM_017200197.1</a>
4 XM_027404801.1	PREDICTED: <b>Cricetulus</b> <b>griseus</b> pecanex 2 (Pcnx2), mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_027404801.1</a>
5 XM_003496803.4	PREDICTED: <b>Cricetulus</b> <b>griseus</b> pecanex 2 (Pcnx2), mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_003496803.4</a>
6 XM_026789982.1	PREDICTED: <b>Microtus</b> <b>ochrogaster</b> pecanex 2 (Pcnx2), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_026789982.1</a>
7 XM_013345975.2	PREDICTED: <b>Microtus</b> <b>ochrogaster</b> pecanex 2 (Pcnx2), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_013345975.2</a>
8 XM_028095345.1	PREDICTED: <b>Eumetopias</b> <b>jubatus</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_028095345.1</a>
9 XM_027618249.1	PREDICTED: <b>Zalophus</b> <b>californianus</b> UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 9 (LOC113935781), transcript variant X5, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_027618249.1</a>
10 XM_027618248.1	PREDICTED: <b>Zalophus</b> <b>californianus</b> UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 9 (LOC113935781), transcript variant X4, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_027618248.1</a>
11 XM_025888785.1	PREDICTED: <b>Callorhinus</b> <b>ursinus</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_025888785.1</a>
12 XM_021703964.1	PREDICTED: <b>Neomonachus</b> <b>schauinslandi</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_021703964.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
13 XM_021703956.1	PREDICTED: <b>Neomonachus schauinslandi</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_021703956.1</a>
14 XM_013122036.2	<b>15/1</b> PREDICTED: <b>Mesocricetus auratus</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_013122036.2</a>
15 XM_005064691.3	<b>15/1</b> PREDICTED: <b>Mesocricetus auratus</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_005064691.3</a>
16 XM_021170316.1	<b>15/1</b> PREDICTED: <b>Mus caroli</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_021170316.1</a>
17 XM_021220388.1	<b>15/1</b> PREDICTED: <b>Mus pahari</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_021220388.1</a>
18 LT629788.1	<b>Pseudomonas</b> moraviensis strain BS3668 genome assembly, chromosome: I	40.1	40.1	61%	9.5	82%	<a href="#">LT629788.1</a>
19 XM_018455918.1	PREDICTED: Trachymyrmex zeteki uncharacterized LOC108727710 (LOC108727710), mRNA	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">XM_018455918.1</a>
20 XR_001778443.1	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X3, misc_RNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XR_001778443.1</a>
21 XM_011248396.2	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_011248396.2</a>
22 XM_011248395.2	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_011248395.2</a>
23 XM_004393402.2	PREDICTED: <b>Odobenus rosmarus</b> divergens TNFRSF1A-associated via death domain (TRADD), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_004393402.2</a>
24 XM_012566139.1	PREDICTED: <b>Odobenus rosmarus</b> divergens TNFRSF1A-associated via death domain (TRADD), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_012566139.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
25 XM_006741502.1	PREDICTED: <b>Leptonychotes weddellii</b> TNFRSF1A-associated via death domain (TRADD), mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_006741502.1</a>
26 XM_006531060.1	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X4, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_006531060.1</a>
27 NM_175561.4	<b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">NM_175561.4</a>
28 XM_002620491.1	Ajellomyces dermatitidis SLH14081 peroxisomal ABC transporter, mRNA	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">XM_002620491.1</a>
29 BC068235.1	<b>Mus musculus</b> pecanex-like 2 ( <b>Drosophila</b> ), mRNA (cDNA clone IMAGE:30542978), containing frame-shift errors	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">BC068235.1</a>
30 AK220342.1	<b>Mus musculus</b> mRNA for mKIAA0435 protein	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">AK220342.1</a>
31 AK087907.1	<b>Mus musculus</b> 2 days pregnant adult female ovary cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:E330039K12 product:weakly similar to PECANEX 1 [ <b>Mus musculus</b> ], full insert sequence	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">AK087907.1</a>
32 AK030215.1	<b>Mus musculus</b> adult male testis cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:4933424I21 product:hypothetical Homeodomain-like structure containing protein, full insert sequence	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">AK030215.1</a>
33 CP026674.1	<b>Pseudomonas</b> sp. SWI44 chromosome, complete genome	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">CP026674.1</a>
34 CP026676.1	<b>Pseudomonas</b> sp. SWI6 chromosome, complete genome	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">CP026676.1</a>
35 XM_022492727.1	PREDICTED: <b>Enhydra lutris kenyoni</b> trichohyalin-like (LOC111140481), partial mRNA	39.2	39.2	46%	9.5	88%	<a href="#">XM_022492727.1</a>
36 XM_020945606.1	PREDICTED: <b>Drosophila</b> serrata uncharacterized LOC110178466 (LOC110178466), mRNA	39.2	39.2	53%	9.5	89%	<a href="#">XM_020945606.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
37 XM_006880105.1	PREDICTED: <b>Elephantulus edwardii</b> putative scavenger receptor cysteine-rich domain-containing protein LOC619207-like (LOC102868011), mRNA	39.2	39.2	53%	9.5	84%	<a href="#">XM_006880105.1</a>
38 CP003961.1	<b>Pseudomonas</b> sp. VLB120, complete genome	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">CP003961.1</a>

### NOTA BENE:

Come accennato nell'introduzione di questo Capitolo, dei numerosi allineamenti significativi riscontrati, nel Capitolo I° Parte Prima, sono stati approfonditi **solo** quelli di **due** specie di *organismi*: alcune specie di batteri **Pseudomonas** e il nematoda **Heligmosomoides polygyrus** (*organismi* entrambi costituiti da basi di DNA della nuova sequenza generata: la **Sequenza n°1/1**).

In data **9 Aprile 2019** è stata effettuata l'ultima ricerca BLAST (ricerca di controllo svolta per considerare eventuali aggiornamenti prima della pubblicazione del presente Capitolo) su tutte le sequenze analizzate (la *sequenza della Catena A dell'Insulina* e le *19 nuove sequenze* ottenute dall'analisi dei rispettivi 19 Trend "non manifesti").

Parecchi mesi prima di quest'ultima ricerca BLAST, con nostra sorpresa, **due Sequenze** che avevamo identificato in data della pubblicazione del Capitolo I° Parte Prima (eseguita il 9 Gennaio 2018) e che producevano allineamenti significativi con il nematoda **Heligmosomoides polygyrus**, per motivazioni che non ci sono note, sono state rimosse dall'archivio del National Center for Biotechnology Information (NCBI).

### Prima Sequenza rimossa dall'archivio:

**Sequence producing significant alignments:**

	Score (Bits)	E Value	Ident.
--	-----------------	------------	--------

<u>LL188962.1</u> Heligmosomoides polygyrus genome assembly H_bakeri_Edinburgh, scaffold HPBE_scaffold0000593	44.6	0.19	93%
--	------	------	-----

Record removed. *This record was removed at the submitter's request. Please contact update@ebi.ac.uk for further details.*

### Seconda Sequenza rimossa dall'archivio:

**Sequence producing significant alignments:**

	Score (Bits)	E Value	Ident.
--	-----------------	------------	--------

<u>LL194531.1</u> Heligmosomoides polygyrus genome assembly H_bakeri_Edinburgh, scaffold HPBE_contig0000102.....	39.2	8.2	87%
---	------	-----	-----

Record removed. *This record was removed at the submitter's request. Please contact update@ebi.ac.uk for further details.*



**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 1/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 1/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
1 Select seq <a href="#">CP010359.1</a>	<b>Pseudomonas</b> plecoglossicida strain NyZ12, complete genome	Select seq <a href="#">CP026880.1</a> <b>18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> sp. LH1G9 chromosome, complete genome
2 Select seq <a href="#">CP007620.1</a> <b>18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> <b>putida</b> strain DLL-E4, complete genome	Select seq <a href="#">CP025263.1</a> <b>18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> sp. S09G 359 chromosome
18 Select seq <a href="#">LT629788.1</a>	<b>Pseudomonas</b> moraviensis strain BS3668 genome assembly, chromosome: I	Select seq <a href="#">CP018420.1</a> <b>18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> veronii strain R02, complete genome
33 Select seq <a href="#">CP026674.1</a>	<b>Pseudomonas</b> sp. SWI44 chromosome, complete genome	Select seq <a href="#">LT599583.1</a> <b>18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> veronii 1YdBTEX2 genome assembly, chromosome: PVE_r1
34 Select seq <a href="#">CP026676.1</a>	<b>Pseudomonas</b> sp. SWI6 chromosome, complete genome		
38 Select seq <a href="#">CP003961.1</a>	<b>Pseudomonas</b> sp. VLB120, complete genome		
4 Select seq <a href="#">XM_027404801.1</a>	PREDICTED: <b>Cricetulus griseus</b> pecanex 2 (Pcnx2), mRNA	Select seq <a href="#">XM_027409202.1</a>	PREDICTED: <b>Cricetulus griseus</b> insulin (Ins), mRNA
5 Select seq <a href="#">XM_003496803.4</a>	PREDICTED: <b>Cricetulus griseus</b> pecanex 2 (Pcnx2), mRNA	Select seq <a href="#">XM_003508080.2</a>	PREDICTED: <b>Cricetulus griseus</b> insulin (Ins), mRNA
6 Select seq <a href="#">XM_026789982.1</a>	PREDICTED: <b>Microtus ochrogaster</b> pecanex 2 (Pcnx2), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_005351571.2</a>	PREDICTED: <b>Microtus ochrogaster</b> insulin (Ins), mRNA
7 Select seq <a href="#">XM_013345975.2</a>	PREDICTED: <b>Microtus ochrogaster</b> pecanex 2 (Pcnx2), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">DQ250572.1</a>	<b>Microtus</b> kikuchii preproinsulin (Ins) gene, complete cds

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 1/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 1/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
8 Select seq <a href="#">XM_028095345.1</a>	PREDICTED: <b>Eumetopias jubatus</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), mRNA	Select seq <a href="#">XM_028118258.1</a>	PREDICTED: <b>Eumetopias jubatus</b> insulin (LOC114220406), mRNA
9 Select seq <a href="#">XM_027618249.1</a>	PREDICTED: <b>Zalophus californianus</b> UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 9 (LOC113935781), transcript variant X5, mRNA	Select seq XM <a href="#">XM_027579931.1</a>	PREDICTED: <b>Zalophus californianus</b> insulin (INS), mRNA
10 Select seq <a href="#">XM_027618248.1</a>	PREDICTED: <b>Zalophus californianus</b> UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 9 (LOC113935781), transcript variant X4, mRNA		
11 Select seq <a href="#">XM_025888785.1</a>	PREDICTED: <b>Callorhinus ursinus</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), mRNA	Select seq <a href="#">XM_025879485.1</a>	PREDICTED: <b>Callorhinus ursinus</b> insulin (LOC112829807), mRNA
12 Select seq <a href="#">XM_021703964.1</a>	PREDICTED: <b>Neomonachus schauinslandi</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), transcript variant X2, mRNA	Select seq XM <a href="#">XM_021685179.1</a>	PREDICTED: <b>Neomonachus schauinslandi</b> insulin (INS), mRNA
13 Select seq <a href="#">XM_021703956.1</a>	PREDICTED: <b>Neomonachus schauinslandi</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), transcript variant X1, mRNA		
14 Select seq <a href="#">XM_013122036.2</a> <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Mesocricetus auratus</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_013112606.2</a>	PREDICTED: <b>Mesocricetus auratus</b> insulin (Ins), mRNA

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 1/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 1/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
15 Select seq <a href="#">XM_005064691.3</a> <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Mesocricetus auratus</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), transcript variant X1, mRNA		
16 Select seq <a href="#">XM_021170316.1</a> <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), mRNA	Select seq <a href="#">XM_021152514.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA
17 Select seq <a href="#">XM_021220388.1</a> <b>15/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> pecanex homolog 2 ( <b>Drosophila</b> ) (Pcnx2), mRNA	Select seq <a href="#">DQ250565.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
20 Select seq <a href="#">XR_001778443.1</a>	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X3, misc_RNA	Select seq <a href="#">XM_021215010.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA
21 Select seq <a href="#">XM_011248396.2</a>	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">NM_008386.4</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA
22 Select seq <a href="#">XM_011248395.2</a>	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">BC145868.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds
26 Select seq <a href="#">XM_006531060.1</a>	PREDICTED: <b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), transcript variant X4, mRNA	Select seq <a href="#">DQ479923.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds
27 Select seq <a href="#">NM_175561.4</a>	<b>Mus musculus</b> pecanex homolog 2 (Pcnx2), mRNA	Select seq <a href="#">AC163452.12</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23- 405C7, complete sequence
29 Select seq <a href="#">BC068235.1</a> <b>15/1</b>	<b>Mus musculus</b> pecanex- like 2 ( <b>Drosophila</b> ), mRNA (cDNA clone IMAGE:30542978), containing frame-shift errors	Select seq <a href="#">AC136710.8</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23- 35B13, complete sequence

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 1/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 1/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
30 Select seq <a href="#">AK220342.1</a>	<b>Mus musculus</b> mRNA for mKIAA0435 protein	Select seq <a href="#">AC140320.2</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence
31 Select seq <a href="#">AK087907.1</a>	<b>Mus musculus</b> 2 days pregnant adult female ovary cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:E330039K12 product:weakly similar to PECANEX 1 [ <b>Mus musculus</b> ], full insert sequence	Select seq <a href="#">BC098468.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds
32 Select seq <a href="#">AK030215.1</a>	<b>Mus musculus</b> adult male testis cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:4933424I21 product:hypothetical Homeodomain-like structure containing protein, full insert sequence	Select seq <a href="#">AK148541.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007345.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">XM_021168754.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021168753.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185084.2</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185083.2</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 1/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 1/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">NM_008387.5</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">JN959239.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">JN951270.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">BC145554.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds
		Select seq <a href="#">BC099934.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds
		Select seq <a href="#">BC132650.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ250569.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AK007612.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007482.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">BC066208.1</a> <b>6/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 1/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 1/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AC012382.14</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899305.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AC013548.13</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AP003182.2</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences
		Select seq <a href="#">GQ915612.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">XM_021204833.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021204825.1</a> 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA
23	PREDICTED: <b>Odobenus rosmarus divergens</b> TNFRSF1A-associated via death domain (TRADD), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_004403802.1</a>	PREDICTED: <b>Odobenus rosmarus divergens</b> insulin (INS), mRNA
24	PREDICTED: <b>Odobenus rosmarus divergens</b> TNFRSF1A-associated via death domain (TRADD), transcript variant X1, mRNA		

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 1/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 1/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
25 Select seq <a href="#">XM_006741502.1</a>	PREDICTED: <b>Leptonychotes weddellii</b> TNFRSF1A-associated via death domain (TRADD), mRNA	Select seq <a href="#">XM_006750095.1</a>	PREDICTED: <b>Leptonychotes weddellii</b> insulin (INS), mRNA
35 Select seq <a href="#">XM_022492727.1</a>	PREDICTED: <b>Enhydra lutris kenyoni</b> trichohyalin-like (LOC111140481), partial mRNA	Select seq <a href="#">XM_022507720.1</a>	PREDICTED: <b>Enhydra lutris kenyoni</b> insulin (LOC111150279), mRNA
37 Select seq <a href="#">XM_006880105.1</a>	PREDICTED: <b>Elephantulus edwardii</b> putative scavenger receptor cysteine-rich domain-containing protein LOC619207-like (LOC102868011), mRNA	Select seq <a href="#">XM_006893212.1</a>	PREDICTED: <b>Elephantulus edwardii</b> insulin (INS), mRNA

**Analisi della  
Sequenza n° 2/1 della  
Catena A dell'Insulina**



## 1.4 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 2/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 5 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 5 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

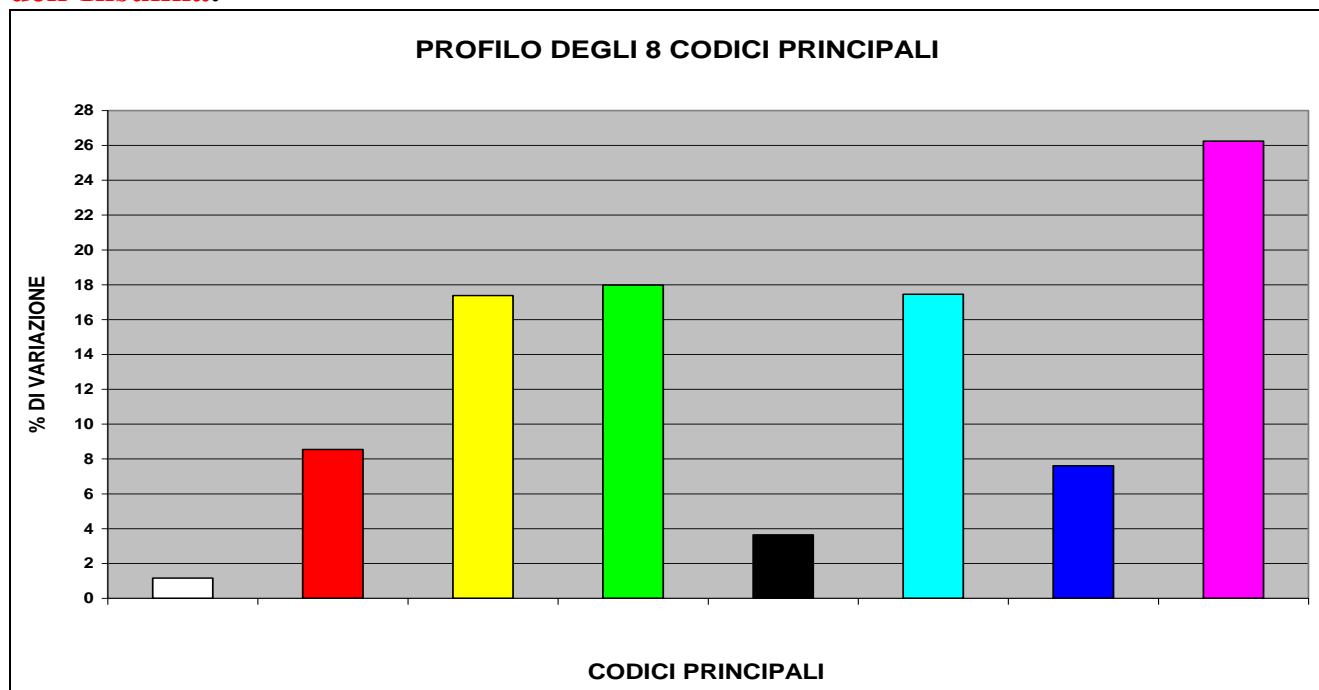


Fig. 5 (A)

Il grafico in Fig. 5 (B) si riferisce alla **seconda "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 2/1**) da quella originaria.

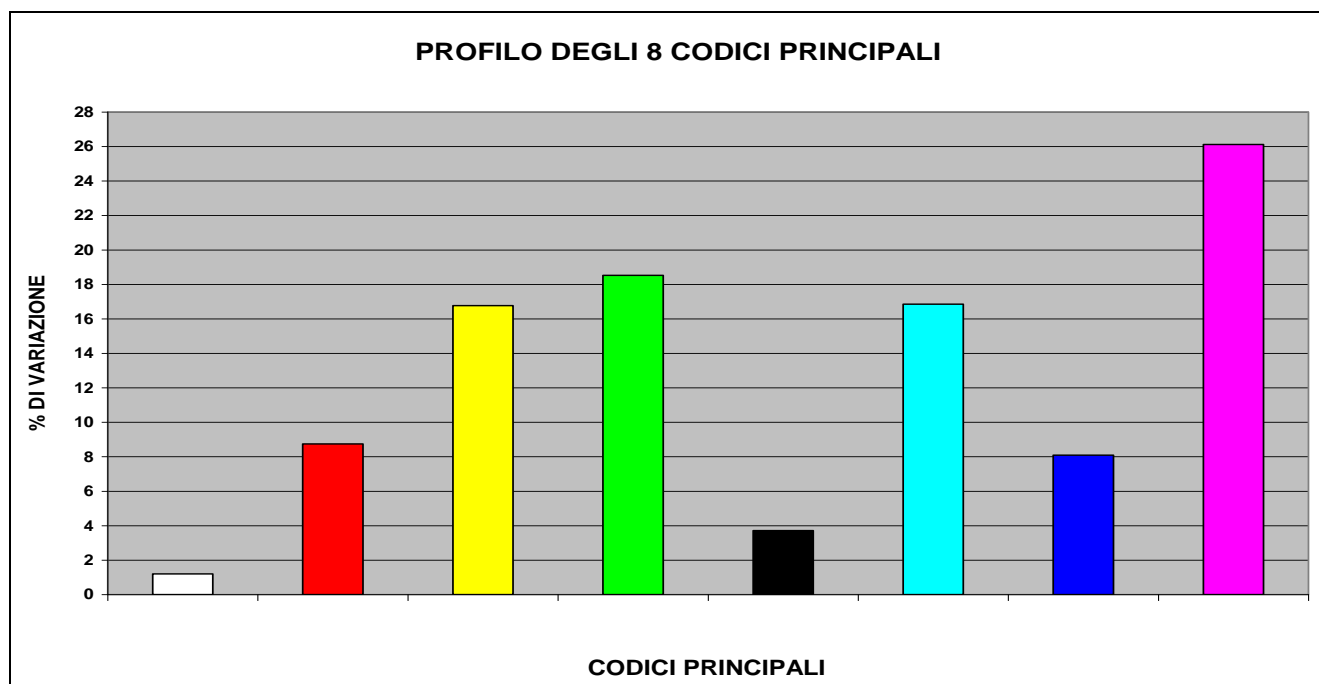
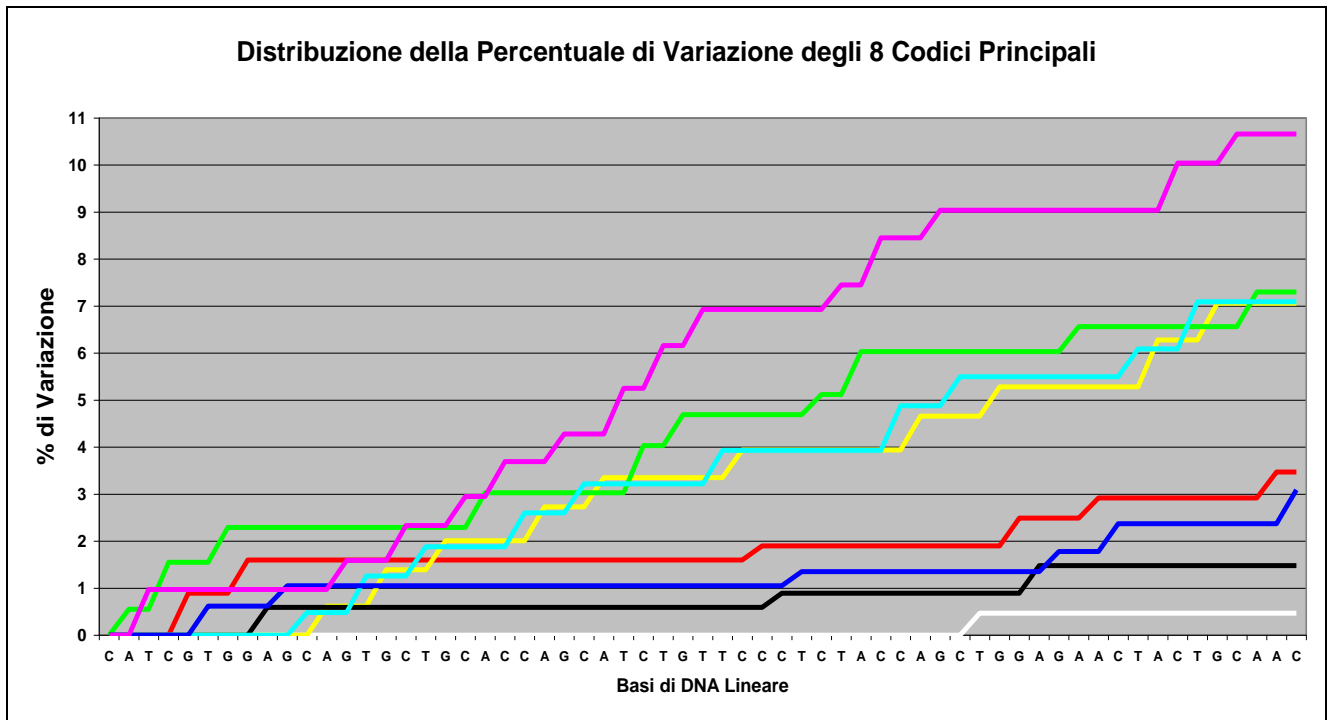


Fig. 5 (B)

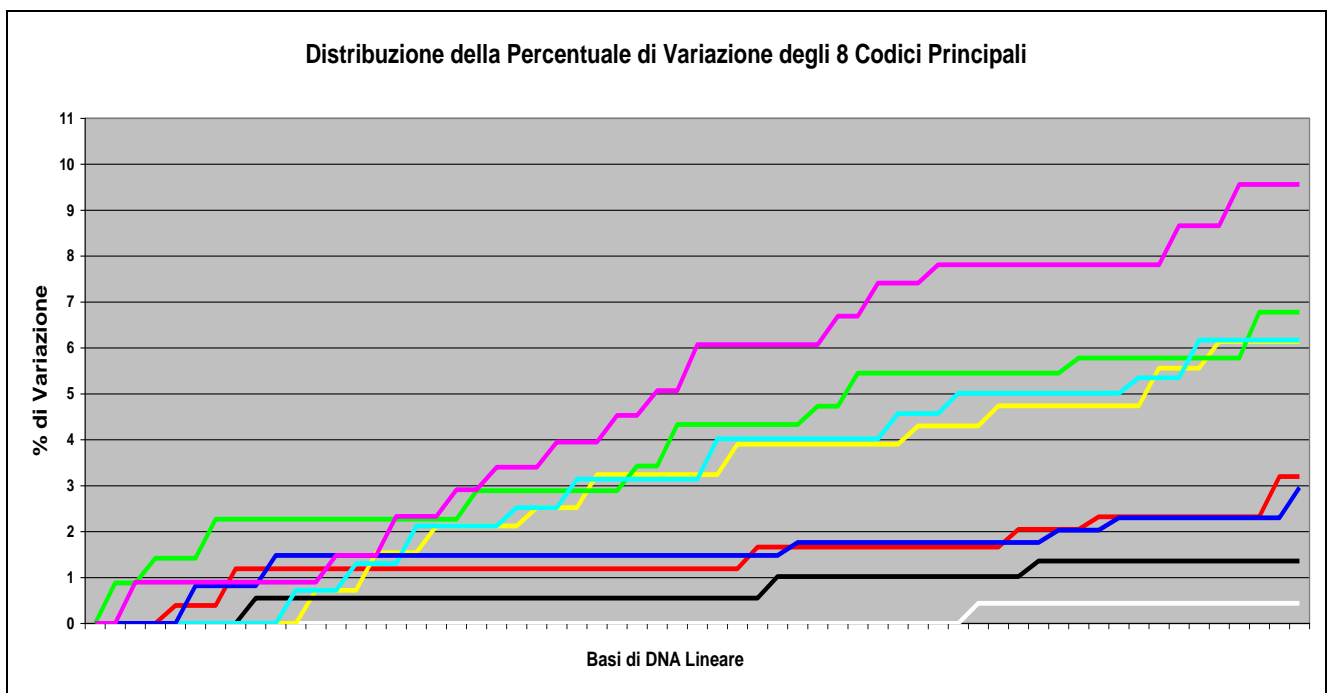
In Fig. 6 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 6 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 6 (A)**

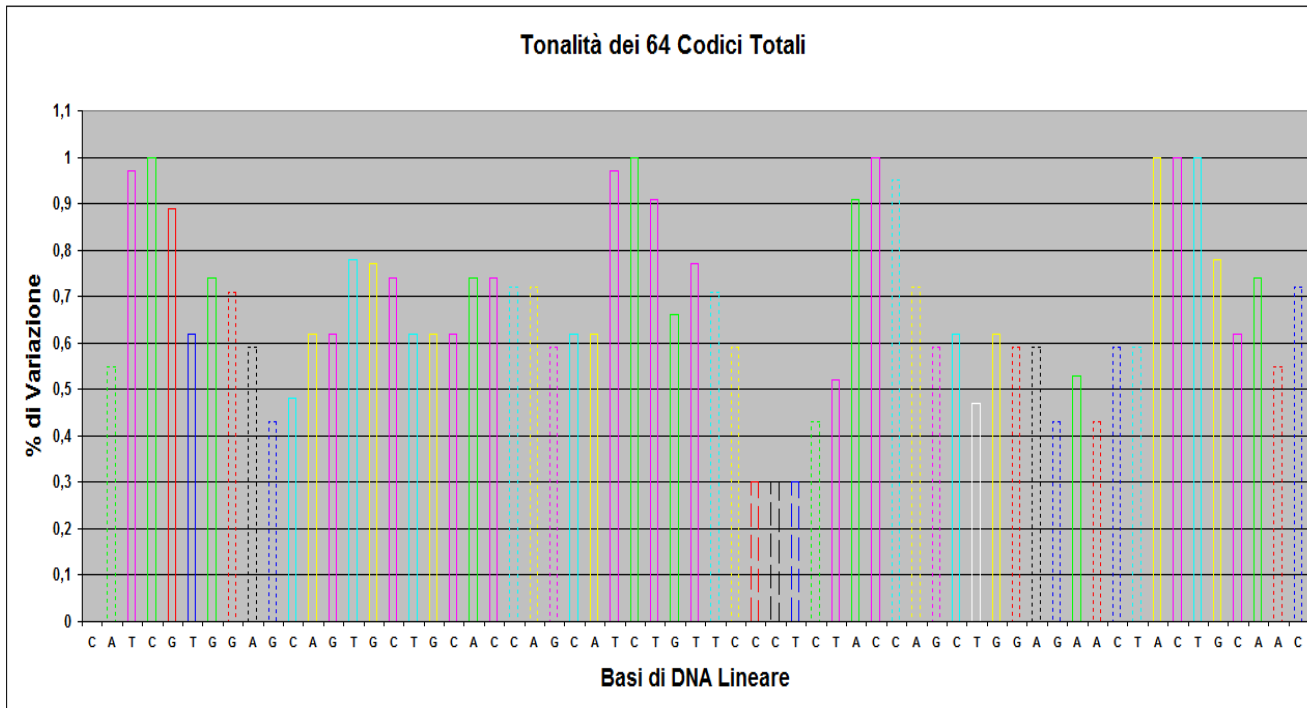
Il grafico in Fig. 6 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 6 (B)**

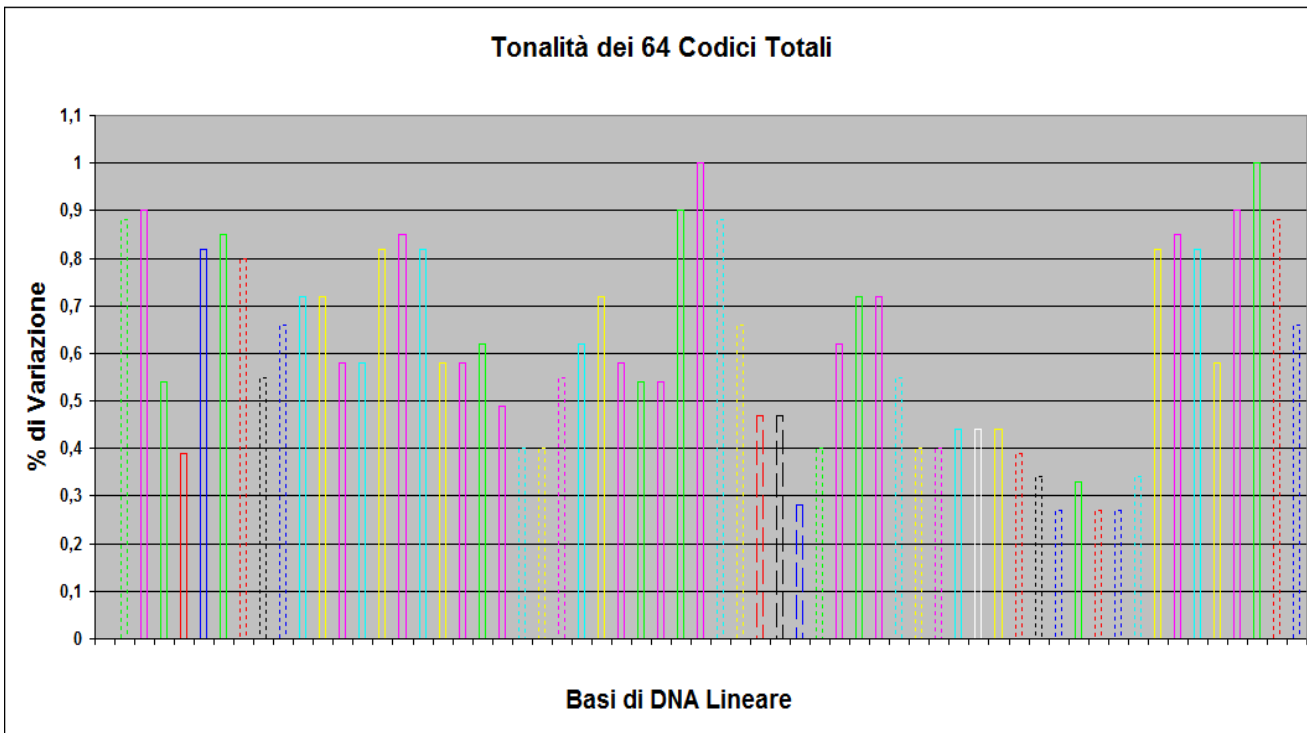
In Fig. 7 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 7 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 7 (A)**

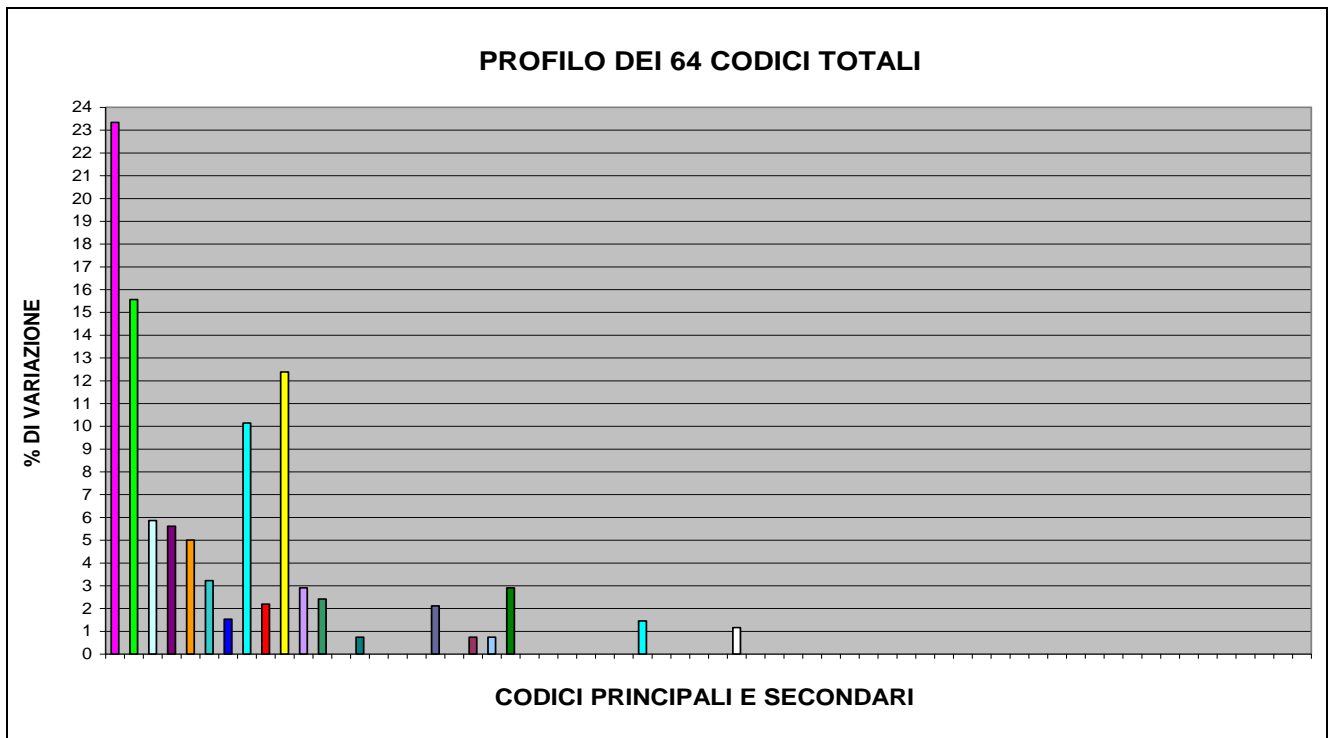
Il grafico in Fig. 7 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 7 (B)**

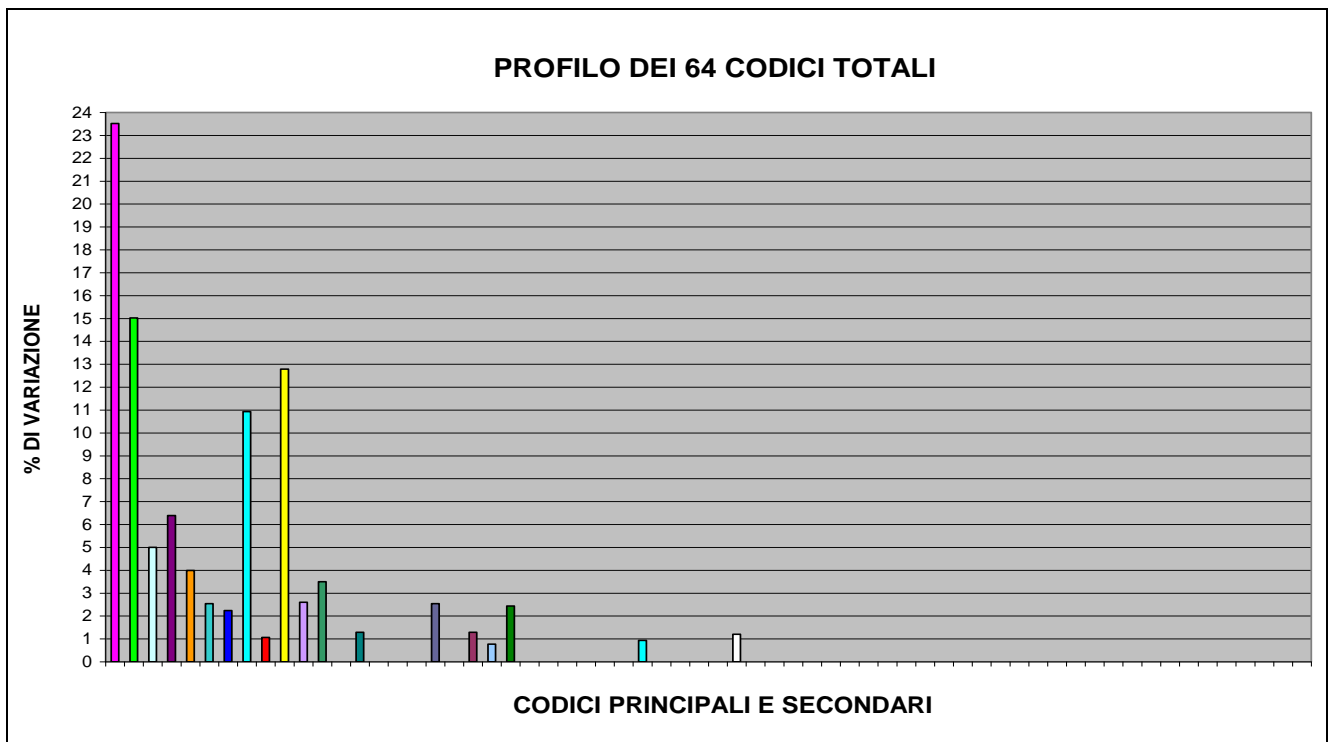
In Fig. 8 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 8 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 8 (A)**

Il grafico in Fig. 8 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 8 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 2/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 1/1**. Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 2/1**, **SOLTANTO QUATTORDICI BASI** (il **22,22%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.5 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 2/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 2/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 2/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 2/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 2/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 2/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 2/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 2/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 CP034495.1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 17	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">CP034495.1</a>
2 XR_984267.2	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X5, ncRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XR_984267.2</a>
3 XR_984264.2	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X2, ncRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XR_984264.2</a>
4 XR_001440358.1	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> uncharacterized LOC106993978 (LOC106993978), transcript variant X2, ncRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XR_001440358.1</a>
5 XR_001440357.1	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> uncharacterized LOC106993978 (LOC106993978), transcript variant X1, ncRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XR_001440357.1</a>
6 XR_984266.1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X4, ncRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XR_984266.1</a>
7 XR_984265.1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X3, ncRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XR_984265.1</a>
8 XR_984263.1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X1, ncRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XR_984263.1</a>
9 AC015813.12	<b>Homo sapiens</b> , clone RP11-159D12, complete sequence	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">AC015813.12</a>
10 AC004757.2	<b>Homo sapiens</b> chromosome 17, clone CTB-117K16, complete sequence	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">AC004757.2</a>
11 AC005962.1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 17, clone hRPK.506_H_21, complete sequence	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">AC005962.1</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 2/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 2/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
1 Select seq <a href="#">CP034495.1</a>	Eukaryotic synthetic construct chromosome 17	Select seq <a href="#">CP034516.1</a> 17/1  Select seq <a href="#">CP034491.1</a> 17/1	Eukaryotic synthetic construct chromosome 13  Eukaryotic synthetic construct chromosome 13
2 Select seq <a href="#">XR_984267.2</a>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X5, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_015434180.1</a> 3/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
3 Select seq <a href="#">XR_984264.2</a>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X2, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_015113354.1</a> 3/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> insulin (INS), mRNA
4 Select seq <a href="#">XR_001440358.1</a>	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> uncharacterized LOC106993978 (LOC106993978), transcript variant X2, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_011721319.1</a> 3/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X4, mRNA
5 Select seq <a href="#">XR_001440357.1</a>	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> uncharacterized LOC106993978 (LOC106993978), transcript variant X1, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_011721318.1</a> 3/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA
6 Select seq <a href="#">XR_984266.1</a>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X4, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_011721317.1</a> 3/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
7 Select seq <a href="#">XR_984265.1</a>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X3, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_011721316.1</a> 3/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA



Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 2/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 2/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
8 Select seq <a href="#">XR_984263.1</a>	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> uncharacterized LOC105476807 (LOC105476807), transcript variant X1, ncRNA	Select seq <a href="#">NM_001284919.1</a> <b>3/1 8/1 17/1</b>	<b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), mRNA
9 Select seq <a href="#">AC015813.12</a>	<b>Homo sapiens</b> , clone RP11-159D12, complete sequence	Select seq <a href="#">AH002844.2</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) gene, complete cds
10 Select seq <a href="#">AC004757.2</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 17, clone CTB-117K16, complete sequence	Select seq <a href="#">AH012037.2</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; insulin (INS) gene, complete cds; and insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, partial sequence
11 Select seq <a href="#">AC005962.1</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 17, clone hRPK.506_H_21, complete sequence	Select seq <a href="#">NG_050578.1</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11
		Select seq <a href="#">KR710184.1</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010257 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">KR710183.1</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010256 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">KR710182.1</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010255 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">KJ891480.1</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone ccsbBroadEn_00874 INS gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_001291897.1</a> <b>8/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 4, mRNA

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 2/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 2/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">JQ951950.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> preproinsulin (INS) mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">JF909299.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">AB587580.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct DNA, clone: pF1KB8864, <b>Homo sapiens</b> INS gene for insulin, without stop codon, in Flexi system
		Select seq <a href="#">NM_001185098.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185097.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">NG_007114.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11
		Select seq <a href="#">DQ778082.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> clone BFC06103 insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">DQ896283.2</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone IMAGE:100010743; FLH192918.01L; RZPDo839A1068D insulin (INS) gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_000207.2</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">BT007778.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, partial cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 2/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 2/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BT006808.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">BC005255.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:12292 IMAGE:3950204), complete cds
		Select seq <a href="#">AC132217.15</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-889I17, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC130303.8</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899304.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AJ009655.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> ins gene, partial
		Select seq <a href="#">X70508.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> mRNA for insulinoma pre-proinsulin
		Select seq <a href="#">L15440.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complete cds; insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, 5' end
		Select seq <a href="#">KR710185.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010262 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">AF050524.1</a> 8/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic <b>Homo sapiens</b> proinsulin-like protein BKRA gene, complete cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 2/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 2/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
---------------------------	-------------	--	-------------

Select seq

[AC021233.9](#)

**8/1 9/1 10/1 15/1**

**17/1**

**Homo sapiens** chromosome 11, clone RP11-215H22, complete sequence

Select seq

[AK024581.1](#)

**8/1 9/1 10/1 15/1**

**17/1**

**Homo sapiens** cDNA: FLJ20928 fis, clone ADSE01074

**Analisi della  
Sequenza n° 3/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.6 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 3/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 9 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 9 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

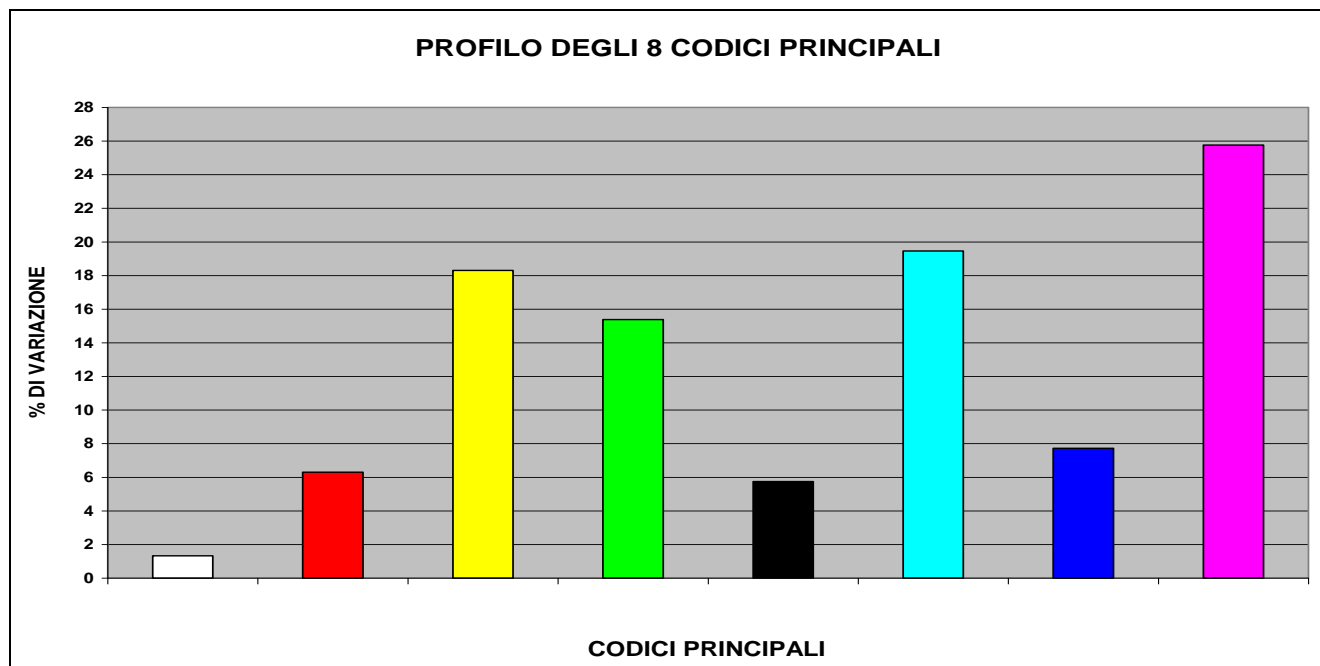


Fig. 9 (A)

Il grafico in Fig. 9 (B) si riferisce alla **terza "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 3/1**) da quella originaria.

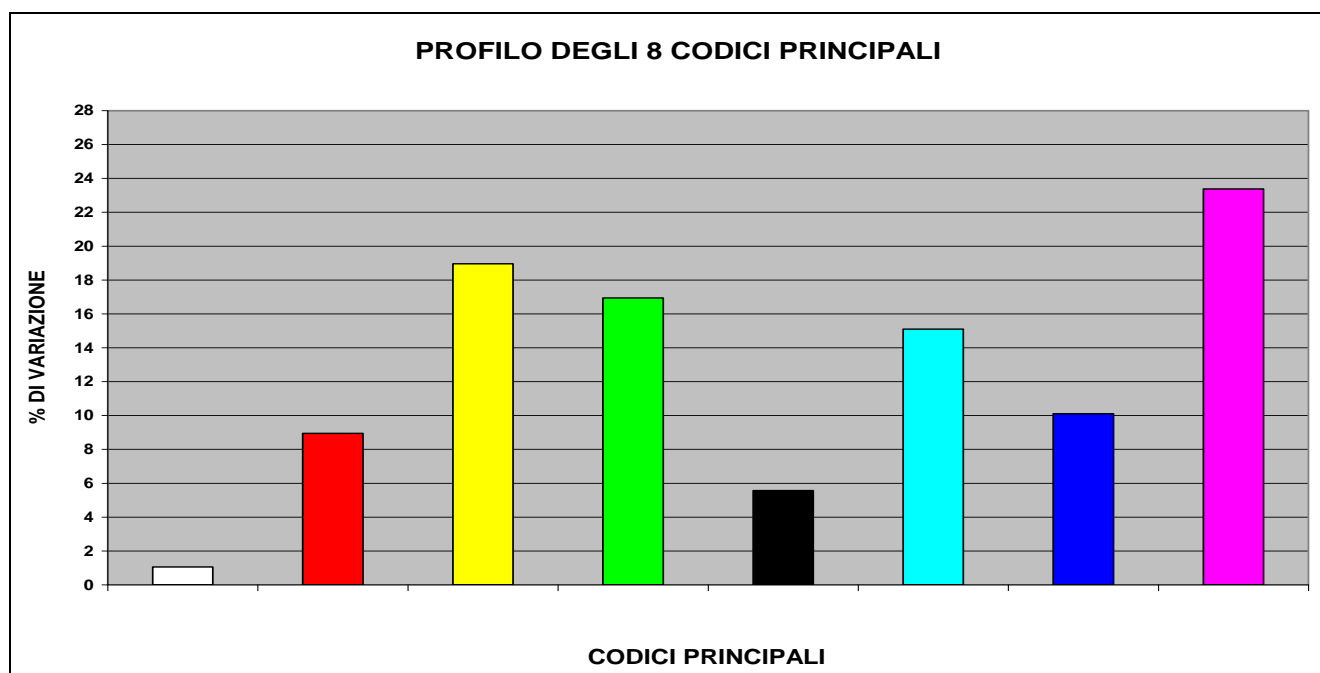
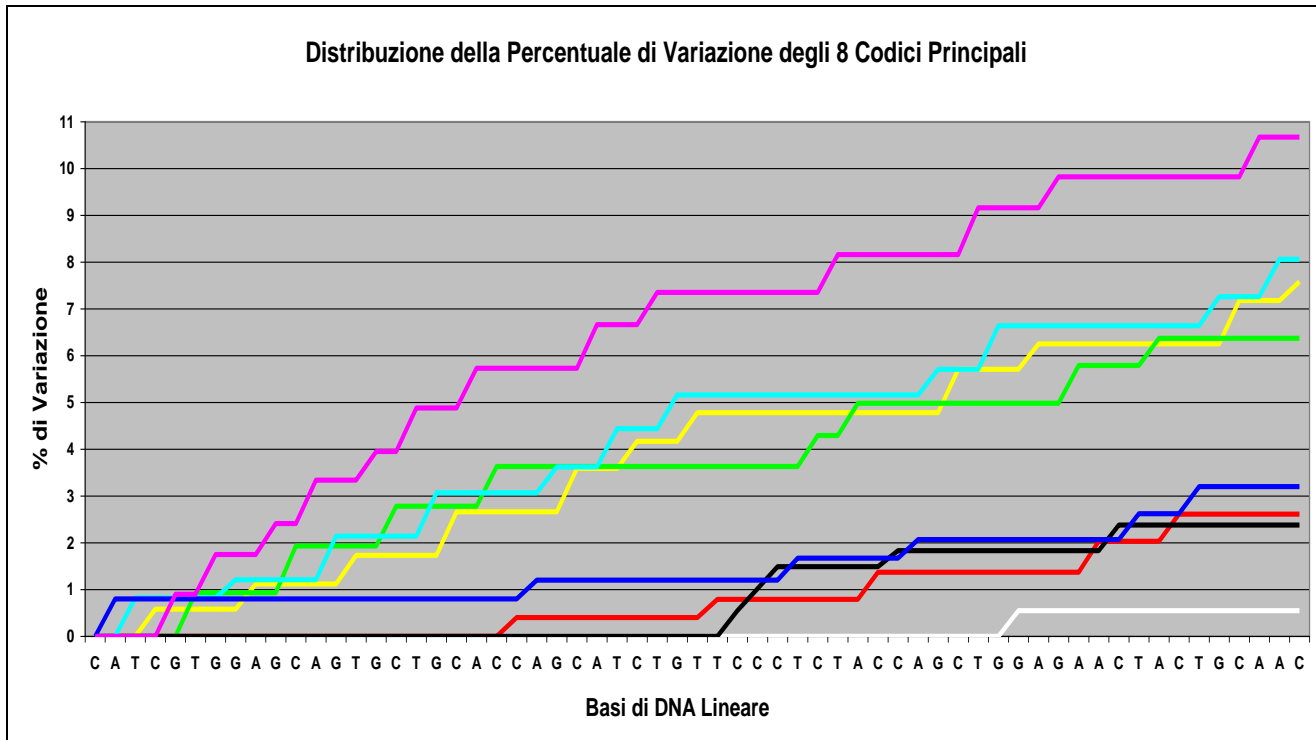


Fig. 9 (B)

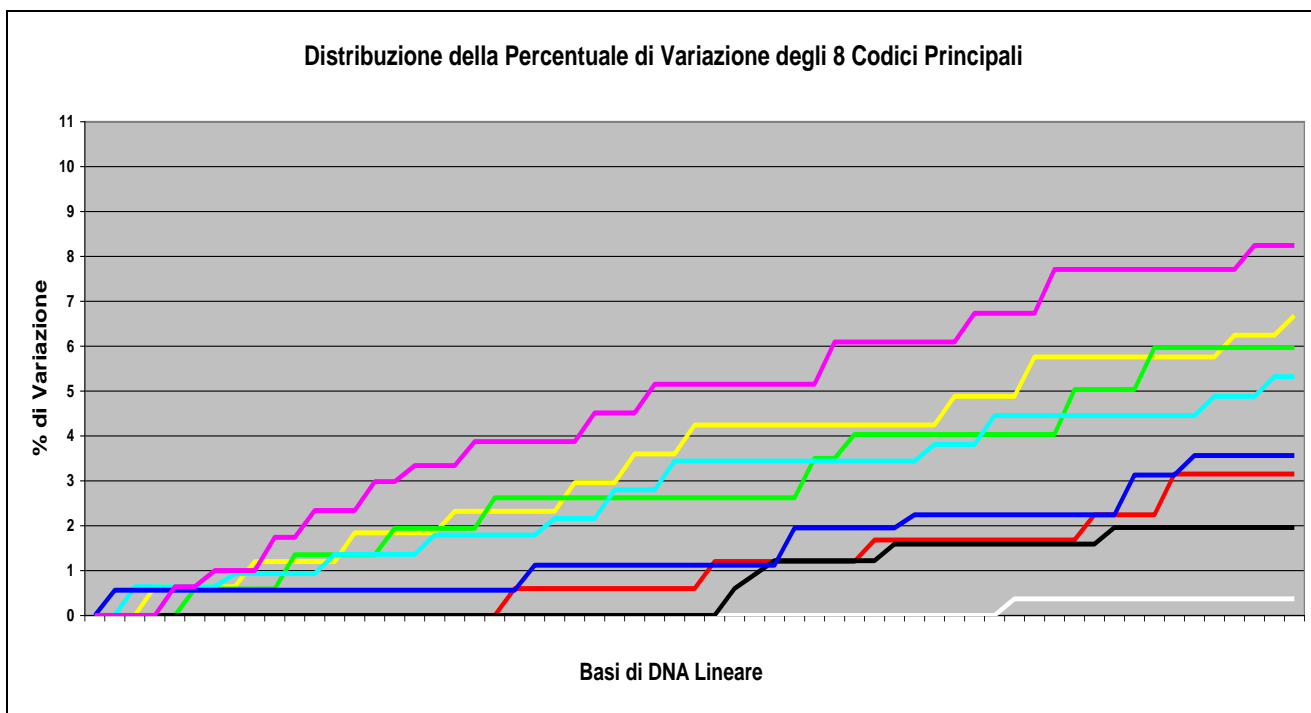
In Fig. 10 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 10 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 10 (A)**

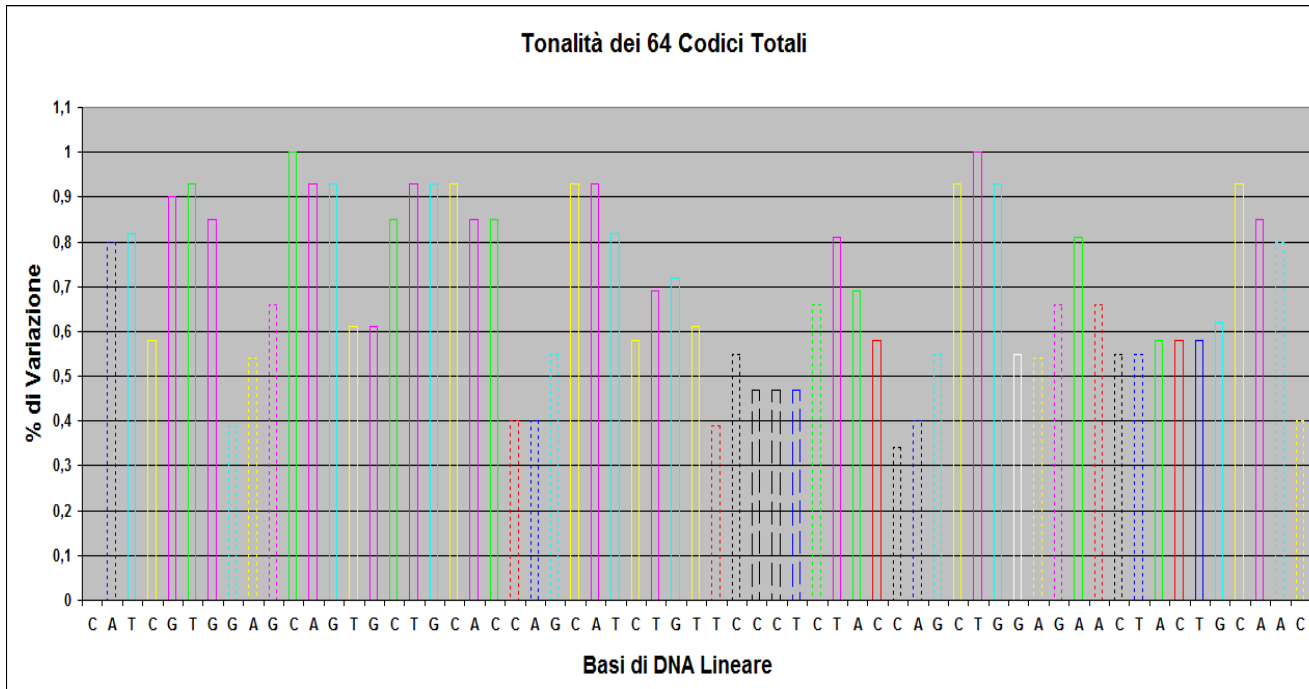
Il grafico in Fig. 10 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 10 (B)**

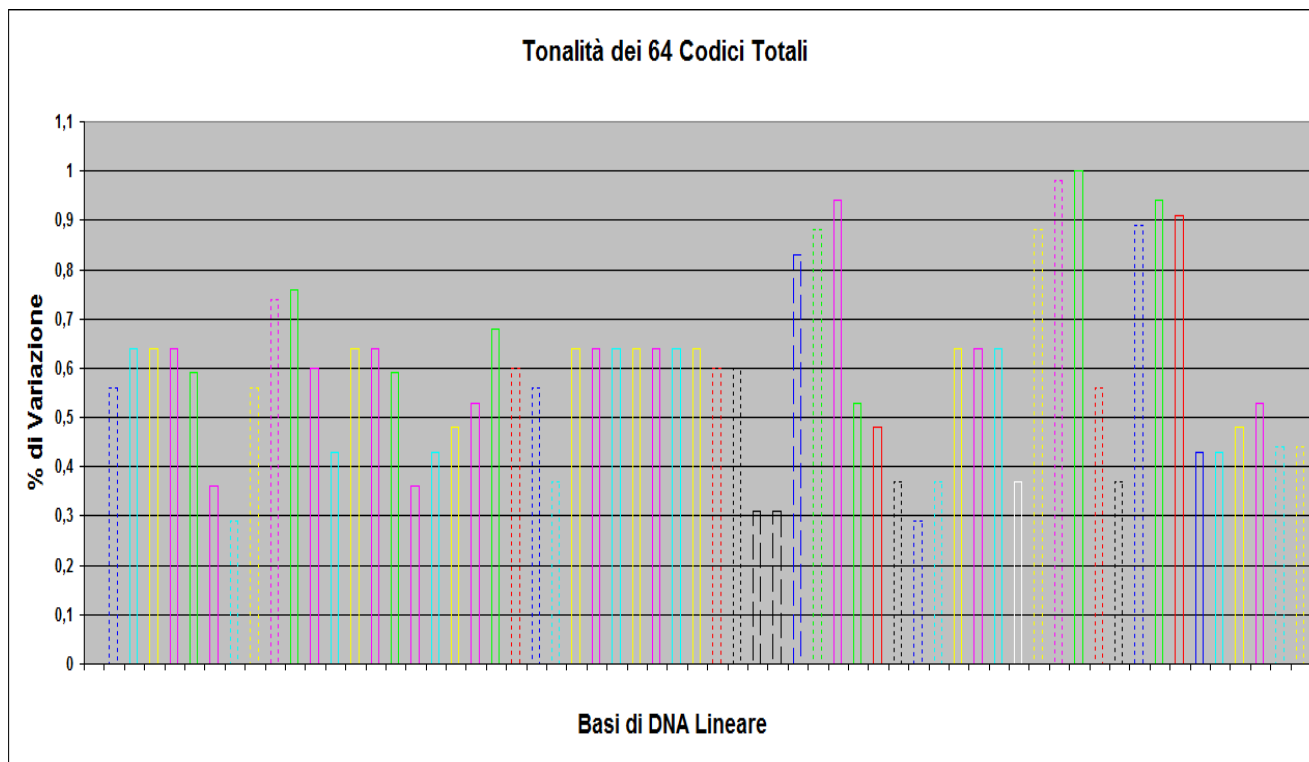
In Fig. 11 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 11 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 11 (A)**

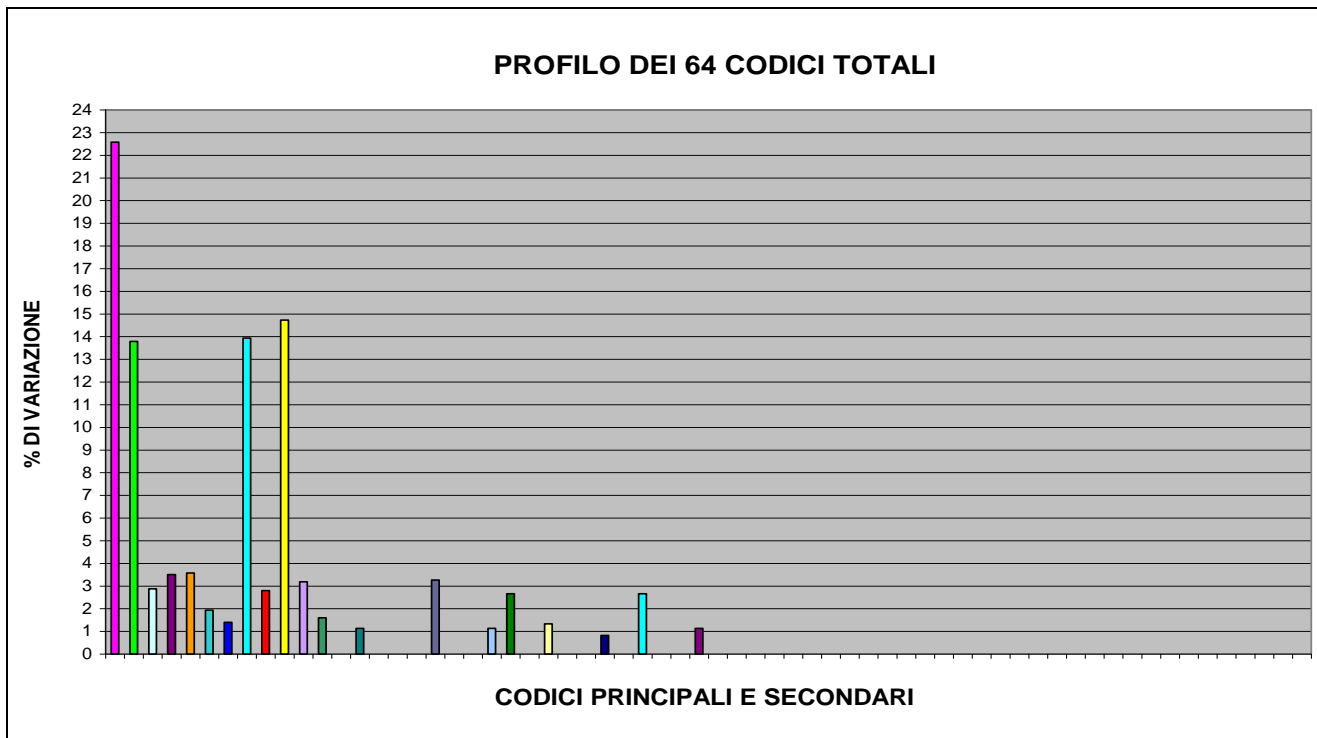
Il grafico in Fig. 11 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 11 (B)**

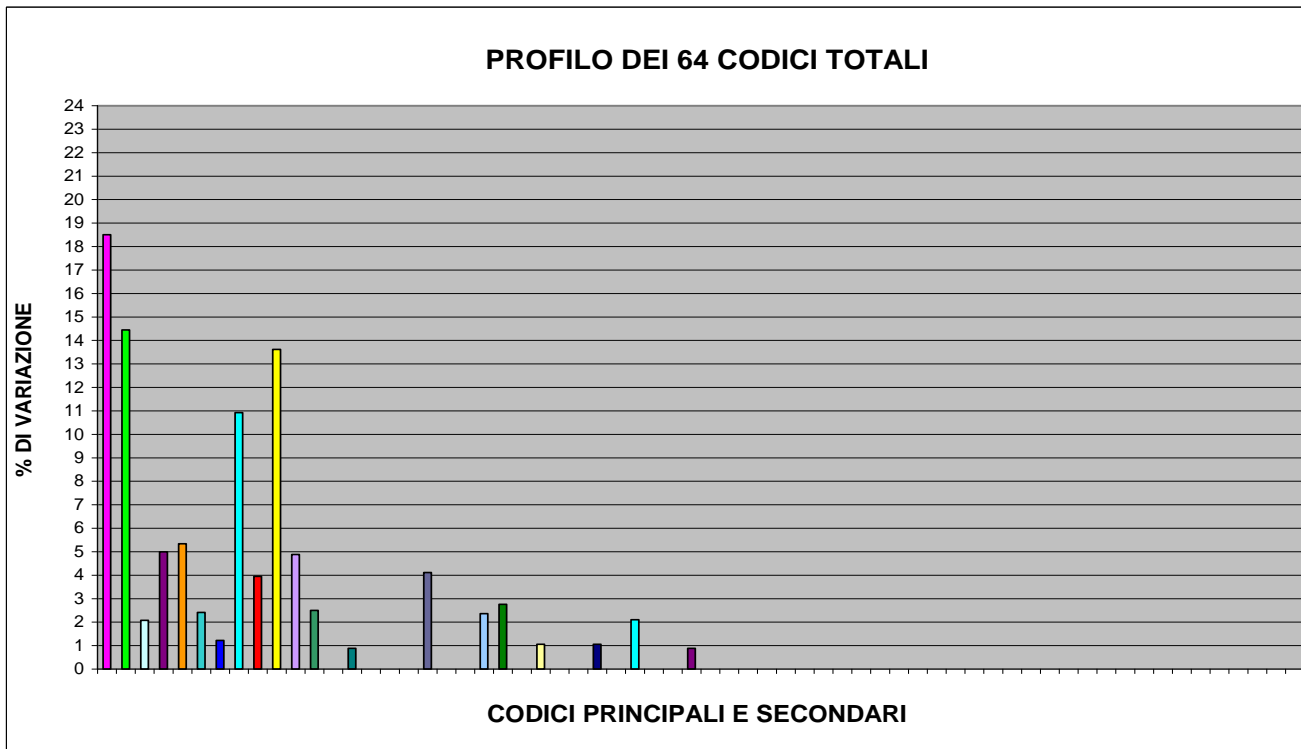


In Fig. 12 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 12 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 12 (A)**

Il grafico in Fig. 12 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 12 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 3/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze n° 1/1 e n° 2/1**. Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 3/1**, SOLTANTO **SEDICI BASI** (il **25,40%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1. 7 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 3/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 3/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 3/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 3/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 3/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 3/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 3/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 3/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 LR217737.1	<b>Candidatus</b> Erwinia sp. (ex Cinara spp.) strain ErCipiceae genome assembly, chromosome: 1	44.6	44.6	53%	0.22	88%	<a href="#">LR217737.1</a>
2 AC202851.10	<b>Macaca mulatta</b> BAC CH250-309J8 (Children's Hospital Oakland Research Institute Rhesus macaque Adult Male BAC Library) complete sequence	40.1	80.1	46%	9.5	90%	<a href="#">AC202851.10</a>
3 AC202847.6	Rhesus Macaque BAC CH250-335I24 () complete sequence	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">AC202847.6</a>
4 LR214930.1	<b>Schistosoma mansoni strain Puerto Rico</b> genome assembly, chromosome: 2	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LR214930.1</a>
5 XM_027519481.1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_027519481.1</a>
6 XM_027519480.1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_027519480.1</a>
7 XM_027519479.1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_027519479.1</a>
8 <b>CP027087.1</b>	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 19	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">CP027087.1</a>
9 XM_019982110.1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_019982110.1</a>
10 XM_019982108.1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_019982108.1</a>
11 XM_019982107.1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_019982107.1</a>
12 XM_014476435.1	PREDICTED: <b>Bos mutus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_014476435.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
13 XM_005889943.2	PREDICTED: <b>Bos mutus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_005889943.2</a>
14 XM_010847326.1	PREDICTED: Bison bison bison phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_010847326.1</a>
15 GU799624.1	Ictalurus punctatus clone BAC1B immunoglobulin delta heavy chain gene locus, partial sequence	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">GU799624.1</a>
16 NM_001046053.2	<b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">NM_001046053.2</a>
17 BC114676.1	<b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3, mRNA (cDNA clone MGC:138060 IMAGE:8087126), complete cds	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">BC114676.1</a>
18 AF363449.1	Ictalurus punctatus clone IgD6 IgM pseudogene, partial sequence; transposon Tc1, complete sequence; and IgD heavy chain gene, partial sequence	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">AF363449.1</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 3/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 3/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
2 Select seq <a href="#">AC202851.10</a>	<b>Macaca mulatta</b> BAC CH250-309J8 (Children's Hospital Oakland Research Institute Rhesus macaque Adult Male BAC Library) complete sequence	Select seq <a href="#">XM_015434180.1</a> 2/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_015113354.1</a> 2/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721319.1</a> 2/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X4, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721318.1</a> 2/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721317.1</a> 2/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721316.1</a> 2/1 8/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001284919.1</a> 2/1 8/1 17/1	<b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), mRNA
5 Select seq <a href="#">XM_027519481.1</a>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X3, mRNA	Select seq <a href="#">XM_027532448.1</a> 4/1 8/1	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> insulin (INS), mRNA
6 Select seq <a href="#">XM_027519480.1</a>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_015461330.2</a> 4/1 8/1	PREDICTED: <b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
7 Select seq <a href="#">XM_027519479.1</a>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">CP027097.1</a> 4/1 8/1	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 29

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 3/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 3/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
8 Select seq <a href="#">CP027087.1</a> 4/1	Bos mutus isolate yakQH1 chromosome 19	Select seq <a href="#">XM_019954732.1</a> 4/1 8/1	PREDICTED: Bos indicus insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
9 Select seq <a href="#">XM_019982110.1</a>	PREDICTED: Bos indicus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X3, mRNA	Select seq <a href="#">XM_019954731.1</a> 4/1 8/1	PREDICTED: Bos indicus insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
10 Select seq <a href="#">XM_019982108.1</a>	PREDICTED: Bos indicus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">M54979.2</a> 4/1 8/1	Bos taurus insulin precursor, mRNA, complete cds
11 Select seq <a href="#">XM_019982107.1</a>	PREDICTED: Bos indicus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">XM_005903505.2</a> 4/1 8/1	PREDICTED: Bos mutus insulin (LOC102274400), mRNA
12 Select seq <a href="#">XM_014476435.1</a>	PREDICTED: Bos mutus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">JX041514.1</a> 4/1 8/1	Bos taurus proinsulin mRNA, partial cds
13 Select seq <a href="#">XM_005889943.2</a>	PREDICTED: Bos mutus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">NM_001185126.1</a> 4/1 8/1	Bos taurus insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
16 Select seq <a href="#">NM_001046053.2</a>	Bos taurus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), mRNA	Select seq <a href="#">NM_173926.2</a> 4/1 8/1	Bos taurus insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
17 Select seq <a href="#">BC114676.1</a>	Bos taurus phospholipid scramblase 3, mRNA (cDNA clone MGC:138060 IMAGE:8087126), complete cds	Select seq <a href="#">EU518675.1</a> 4/1 8/1	Bos taurus insulin (INS) and insulin-like growth factor 2 (IGF2) genes, complete cds
		Select seq <a href="#">BC142034.1</a> 4/1 8/1	Bos taurus insulin, mRNA (cDNA clone MGC:159719 IMAGE:8631936), complete cds
		Select seq <a href="#">AC149665.2</a> 4/1 8/1	Bos taurus BAC CH240-60013 (Children's Hospital Oakland Research Institute Bovine BAC Library (male)) complete sequence

**Analisi della  
Sequenza n° 4/1 della  
Catena A dell'Insulina**



## 1.8 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 4/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 13 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 13 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

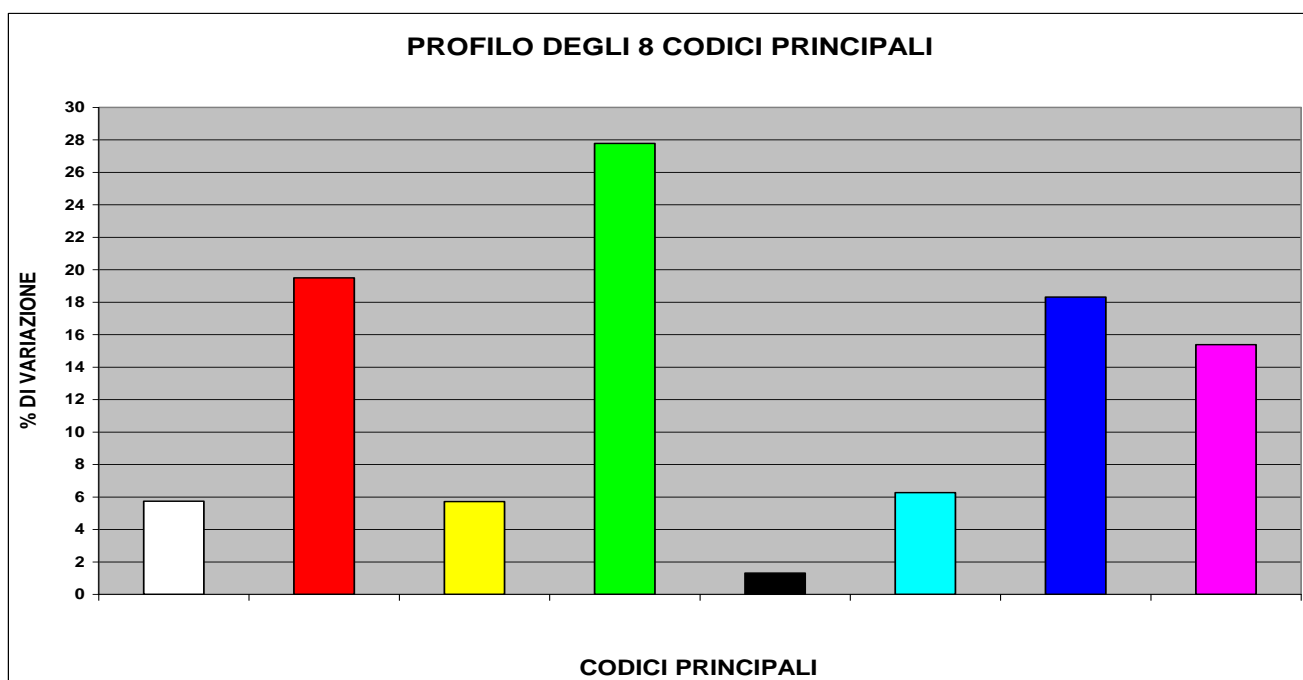


Fig. 13 (A)

Il grafico in Fig. 13 (B) si riferisce alla **quarta "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 4/1**) da quella originaria.

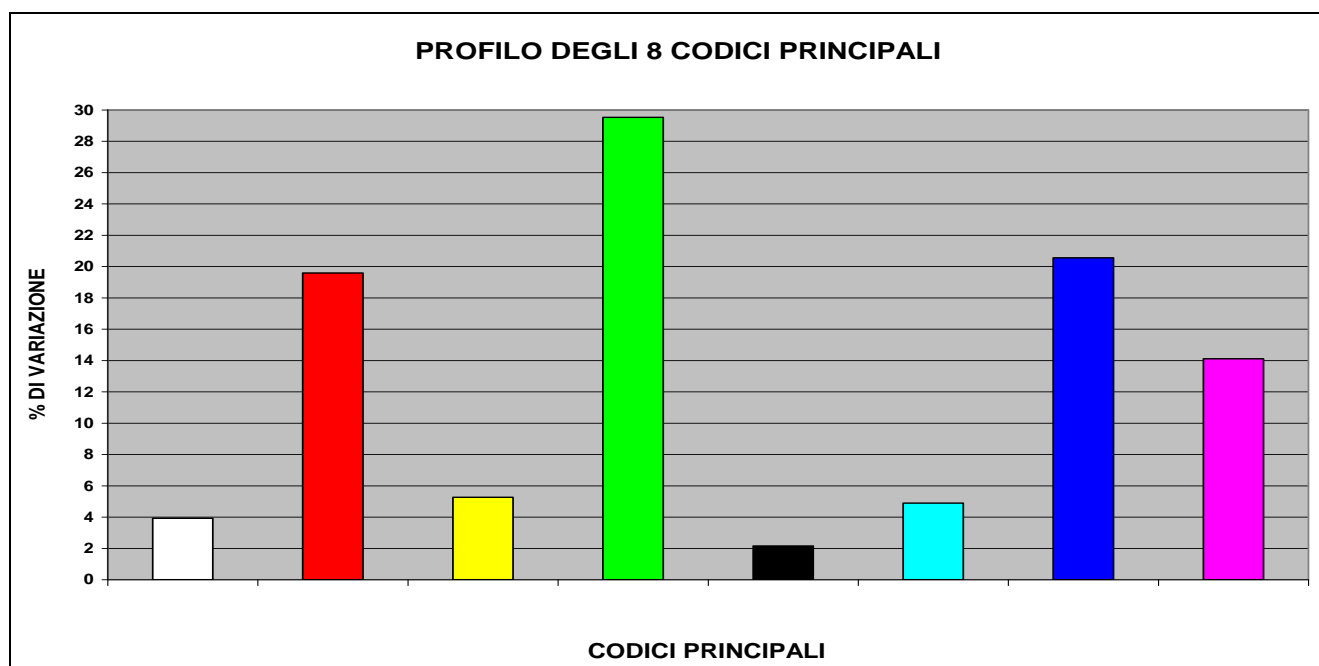
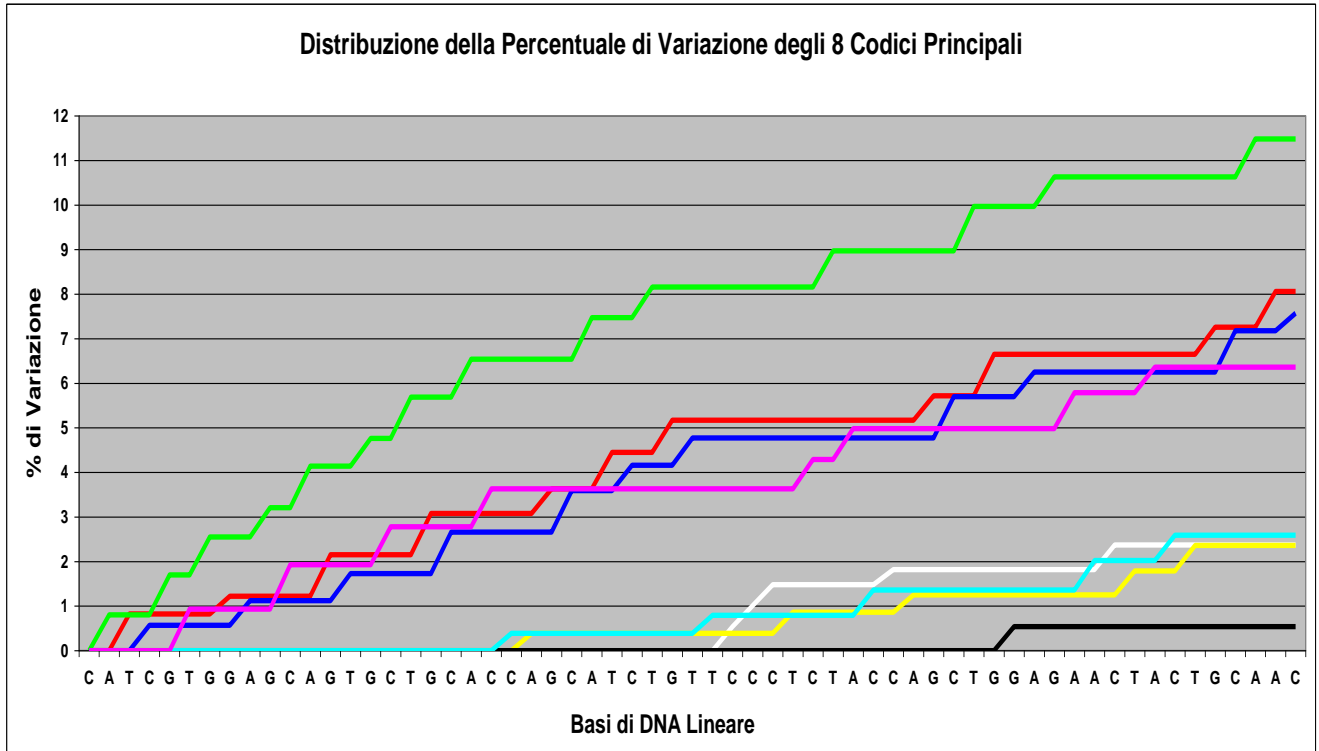


Fig. 13 (B)

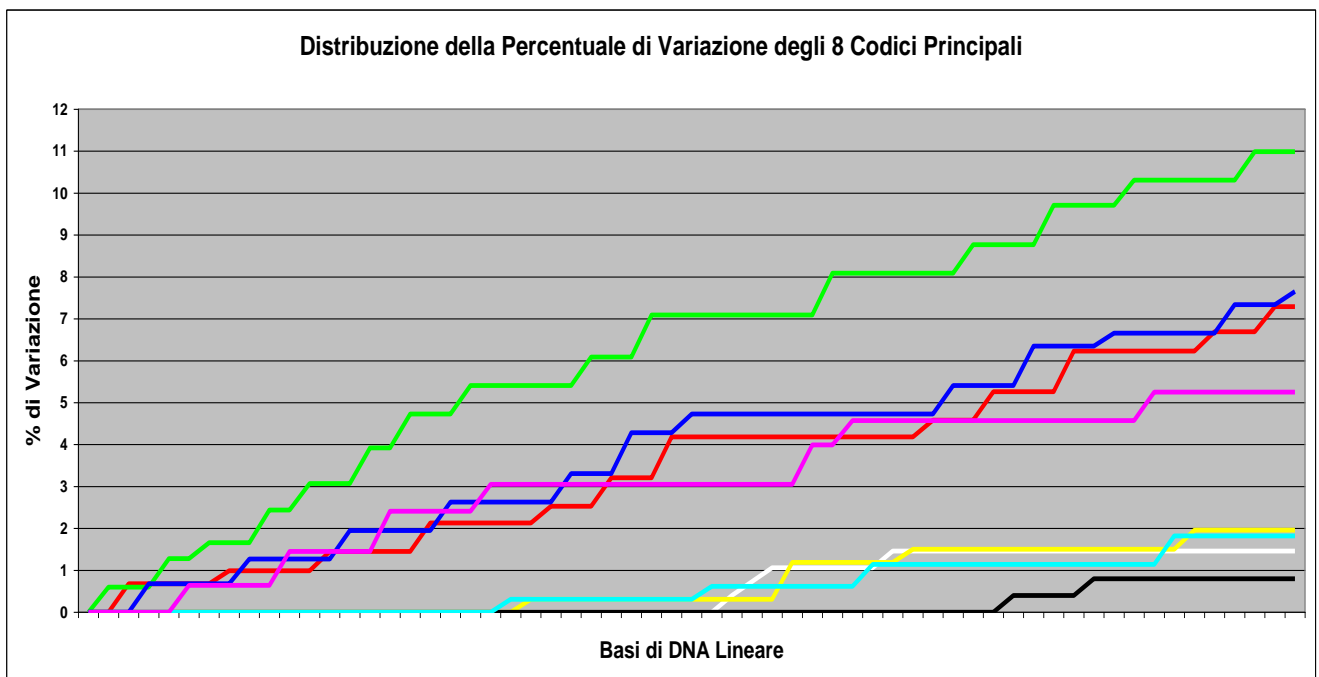
In Fig. 14 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 14 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 14 (A)**

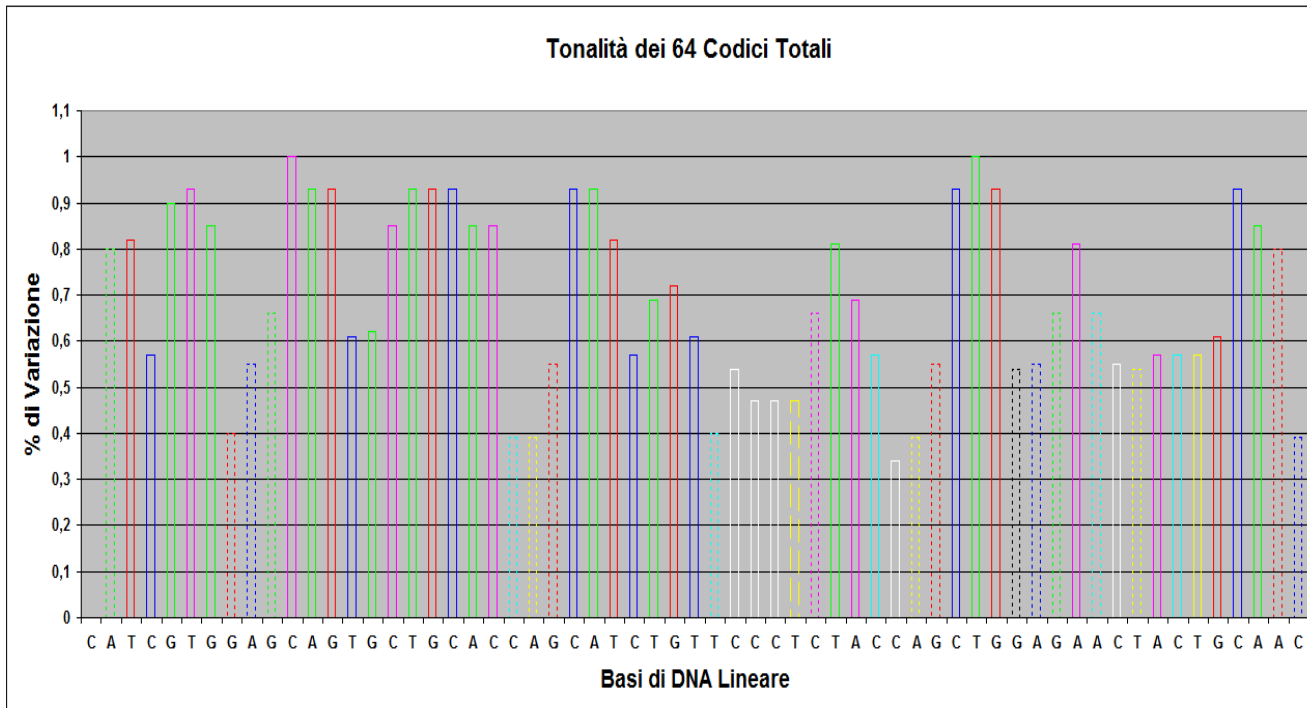
Il grafico in Fig. 14 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 14 (B)**

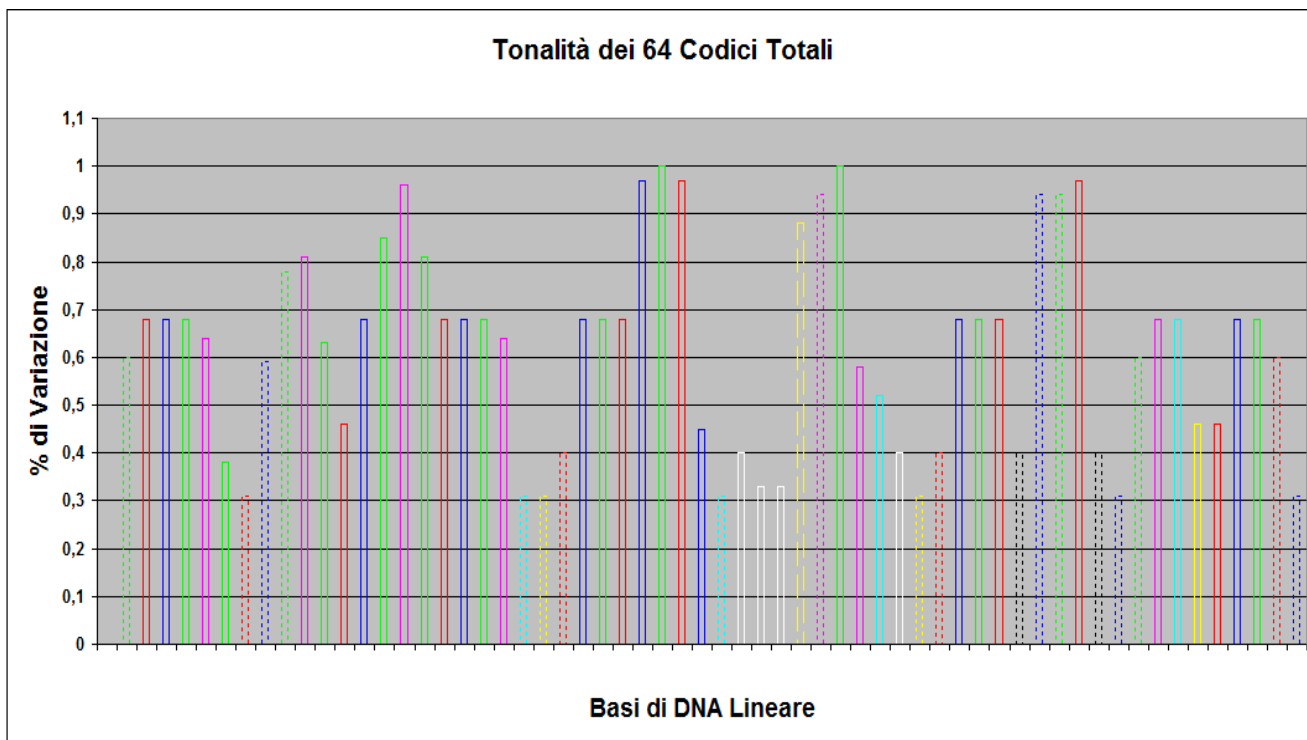
In Fig. 15 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 15 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



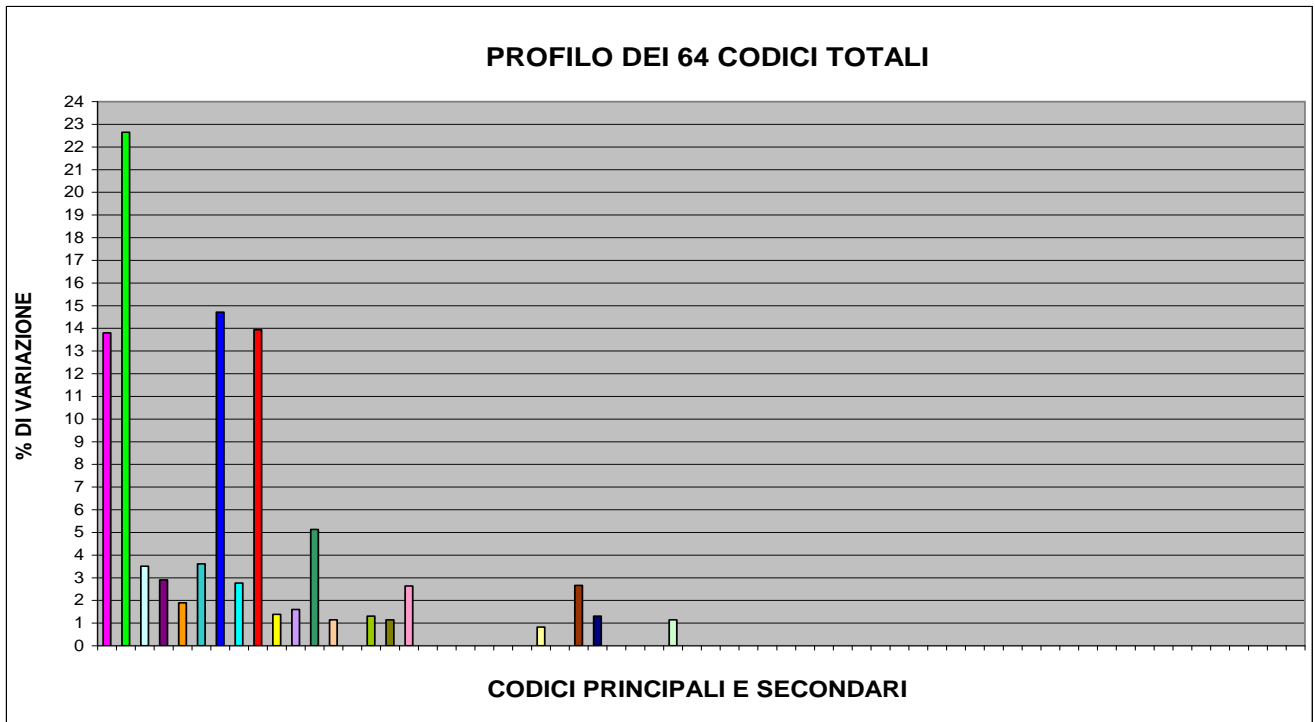
**Fig. 15 (A)**

Il grafico in Fig. 15 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



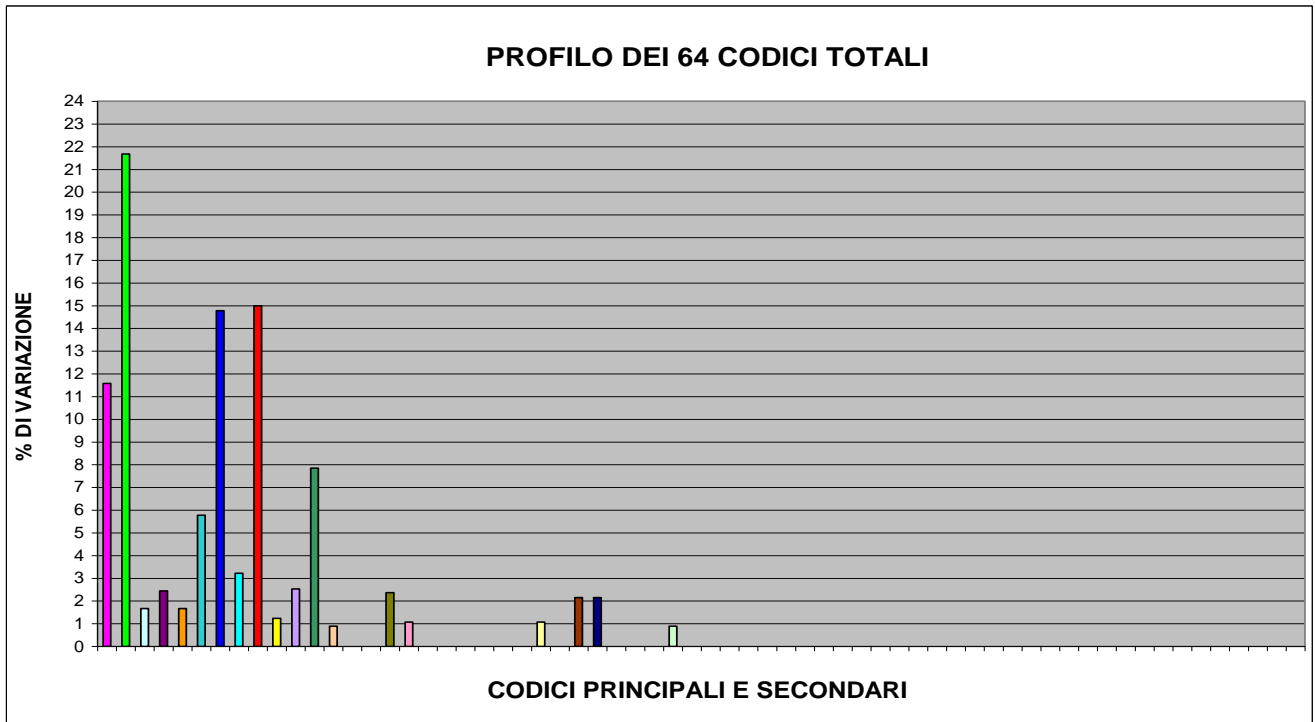
**Fig. 15 (B)**

In Fig. 16 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 16 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 16 (A)**

Il grafico in Fig. 16 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 16 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 4/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 4/1**, **SOLTANTO DICIASSETTE BASI** (il **26,98%**), **SONO UGUALI** (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.9 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 4/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 4/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 4/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 4/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 4/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 4/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 4/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 4/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 LN005780.1	<b>Spirometra erinaceieuropaei</b> genome assembly S_erinaceieuropaei, scaffold SPER_scaffold0005729	47.3	47.3	61%	0.061	88%	<a href="#">LN005780.1</a>
2 CP023761.1	<b>Solanum lycopersicum cultivar I-3</b> chromosome 5	42.8	42.8	53%	0.74	89%	<a href="#">CP023761.1</a>
3 HG975517.1	<b>Solanum lycopersicum</b> chromosome ch05, complete genome	42.8	42.8	53%	0.74	89%	<a href="#">HG975517.1</a>
4 LN590707.1	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold: LG30, chromosome: 30	41.9	41.9	47%	2.6	90%	<a href="#">LN590707.1</a>
5 CP027418.1	Providencia rettgeri strain FDAARGOS_330 chromosome, complete genome	41.0	41.0	50%	2.6	88%	<a href="#">CP027418.1</a>
6 CP027084.1	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 16	41.0	41.0	42%	2.6	93%	<a href="#">CP027084.1</a>
7 CP023767.1	<b>Solanum lycopersicum cultivar I-3</b> chromosome 11	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">CP023767.1</a>
8 <a href="#">CP023759.1</a>	<b>Solanum lycopersicum cultivar I-3</b> chromosome 3	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">CP023759.1</a>
9 XM_020086984.1	PREDICTED: <b>Paralichthys</b> <b>olivaceus</b> myb/SANT-like DNA- binding domain-containing protein 4 (LOC109629309), transcript variant X2, mRNA	41.0	41.0	46%	2.6	93%	<a href="#">XM_020086984.1</a>
10 XM_020086983.1	PREDICTED: <b>Paralichthys</b> <b>olivaceus</b> myb/SANT-like DNA- binding domain-containing protein 4 (LOC109629309), transcript variant X1, mRNA	41.0	41.0	46%	2.6	93%	<a href="#">XM_020086983.1</a>
11 CP017671.1	Providencia rettgeri strain RB151, complete genome	41.0	41.0	50%	2.6	88%	<a href="#">CP017671.1</a>
12 CP017817.1	Sclerotinia sclerotiorum chromosome 4, complete sequence	41.0	41.0	34%	2.6	100%	<a href="#">CP017817.1</a>
13 HG975523.1	<b>Solanum lycopersicum</b> chromosome ch11, complete genome	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">HG975523.1</a>

Sequences producing significant alignments:								
Selected seq		Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
14	<a href="#">8/1</a>	<a href="#">Solanum lycopersicum</a> chromosome ch03, complete genome	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">HG975515.1</a>
15	<a href="#">8/1</a>	<a href="#">Solanum pennellii</a> chromosome ch12, complete genome	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">HG975451.1</a>
16	<a href="#">8/1</a>	<a href="#">Solanum pennellii</a> chromosome ch09, complete genome	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">HG975448.1</a>
17	<a href="#">8/1</a>	<a href="#">Solanum pennellii</a> chromosome ch03, complete genome	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">HG975442.1</a>
18		<a href="#">Beta splendens</a> genome assembly, chromosome: 12	40.1	40.1	38%	9.0	96%	<a href="#">LR132017.1</a>
19	<a href="#">3/1</a>	<a href="#">Bos mutus isolate yakQH1</a> chromosome 19	40.1	40.1	46%	9.0	90%	<a href="#">CP027087.1</a>
20		Entomoplasma freundtii strain BARC 318 chromosome, complete genome	40.1	40.1	66%	9.0	84%	<a href="#">CP024962.1</a>
21		Spirodela polyrhiza strain 9509 chromosome 16 sequence	40.1	40.1	38%	9.0	96%	<a href="#">CP019108.1</a>
22	<a href="#">6/1</a> <a href="#">8/1</a>	<a href="#">Dicrocoelium dendriticum</a> genome assembly D_dendriticum_Leon_v1_0_4, scaffold DDEL_scaffold0352685	40.1	40.1	55%	9.0	86%	<a href="#">LK787109.1</a>
23	<a href="#">6/1</a> <a href="#">8/1</a>	<a href="#">Spirometra erinaceieuropaei</a> genome assembly S_erinaceieuropaei, scaffold SPER_scaffold0001576	40.1	40.1	46%	9.0	90%	<a href="#">LN001590.1</a>
24		Eubacterium callanderi strain KIST612, complete genome	40.1	40.1	77%	9.0	78%	<a href="#">CP002273.2</a>
25	<a href="#">6/1</a>	<a href="#">Cottoperca gobio</a> genome assembly, chromosome: 7	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">LR131937.1</a>
26		Legionella pneumophila subsp. fraseri strain F-4198 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021279.1</a>
27		Legionella pneumophila subsp. fraseri strain D-4058 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021277.1</a>
28		Legionella pneumophila subsp. fraseri strain Los Angeles 1 (D-7696) chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021265.1</a>



Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
29 CP021264.1	Legionella pneumophila subsp. fraseri strain D-5387 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021264.1</a>
30 CP021263.1	Legionella pneumophila subsp. fraseri strain D-3137 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021263.1</a>
31 CP021259.1	Legionella pneumophila strain D-7708 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021259.1</a>
32 CP021258.1	Legionella pneumophila subsp. fraseri strain D-5744 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021258.1</a>
33 CP021257.1	Legionella pneumophila subsp. fraseri strain Lansing 3 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP021257.1</a>
34 XM_023801497.1	PREDICTED: Paramormyrops kingsleyae C2 calcium-dependent domain-containing protein 4C-like (LOC111838475), mRNA	39.2	39.2	49%	9.0	87%	<a href="#">XM_023801497.1</a>
35 MG779363.1	Bandra megavirus isolate KK-1 genomic sequence	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">MG779363.1</a>
36 CP017602.1	Legionella pneumophila strain D5945 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP017602.1</a>
37 CP017601.1	Legionella pneumophila strain D6026 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP017601.1</a>
38 CP017458.1	Legionella pneumophila subsp. fraseri strain Dallas 1E, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP017458.1</a>
39 CP017457.1	Legionella pneumophila subsp. fraseri strain Detroit-1, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP017457.1</a>
40 LT594635.1	Plasmodium malariae genome assembly, chromosome: 14	39.2	39.2	49%	9.0	87%	<a href="#">LT594635.1</a>
41 LT594502.1	Plasmodium malariae genome assembly, chromosome: 14	39.2	39.2	49%	9.0	87%	<a href="#">LT594502.1</a>
42 XM_014194504.1	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> cytosolic endo-beta-N-acetylglucosaminidase-like (LOC106602056), mRNA	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">XM_014194504.1</a>

Sequences producing significant alignments:

Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
43 XM_014194503.1	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> retinoid-inducible serine carboxypeptidase-like (LOC106602055), mRNA	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">XM_014194503.1</a>
44 JX885207.1	Megavirus lba isolate LBA111, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">JX885207.1</a>
45 JX975216.1	Megavirus courdo11, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">JX975216.1</a>
46 CP003360.1	Desulfomonile tiedjei DSM 6799, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP003360.1</a>
47 JN258408.1	Megavirus chiliensis, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">JN258408.1</a>
48 CP002874.1	Brachyspira intermedia PWS/A, complete genome	39.2	39.2	44%	9.0	93%	<a href="#">CP002874.1</a>
49 CP001078.1	<b>6/1</b> <b>Clostridium botulinum</b> E3 str. Alaska E43, complete genome	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">CP001078.1</a>

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 4/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 4/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
4 Select seq <a href="#">LN590707.1</a>	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold: LG30, chromosome: 30	Select seq <a href="#">XM_019069183.1</a> <b>6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Cyprinus carpio</b> insulin-like (LOC109051698), mRNA
		Select seq <a href="#">LN590733.1</a> <b>6/1 17/1</b>	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000000053
6 Select seq <a href="#">CP027084.1</a>	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 16	Select seq <a href="#">XM_027532448.1</a> <b>3/1 8/1</b>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> insulin (INS), mRNA
19 Select seq <a href="#">CP027087.1</a> <b>3/1</b>	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 19	Select seq <a href="#">XM_015461330.2</a> <b>3/1 8/1</b>	PREDICTED: <b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">CP027097.1</a> <b>3/1 8/1</b>	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 29
		Select seq <a href="#">XM_019954732.1</a> <b>3/1 8/1</b>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_019954731.1</a> <b>3/1 8/1</b>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">M54979.2</a> <b>3/1 8/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin precursor, mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_005903505.2</a> <b>3/1 8/1</b>	PREDICTED: <b>Bos mutus</b> insulin (LOC102274400), mRNA
		Select seq <a href="#">JX041514.1</a> <b>3/1 8/1</b>	<b>Bos taurus</b> proinsulin mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">NM_001185126.1</a> <b>3/1 8/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_173926.2</a> <b>3/1 8/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">EU518675.1</a> <b>3/1 8/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin (INS) and insulin-like growth factor 2 (IGF2) genes, complete cds

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 4/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 4/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BC142034.1</a> 3/1 8/1	<b>Bos taurus</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:159719 IMAGE:8631936), complete cds
		Select seq <a href="#">AC149665.2</a> 3/1 8/1	<b>Bos taurus</b> BAC CH240-60013 (Children's Hospital Oakland Research Institute Bovine BAC Library (male)) complete sequence
9	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> myb/SANT-like DNA-binding domain-containing protein 4 (LOC109629309), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_020111207.1</a>	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> insulin-like (LOC109645588), mRNA
10	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> myb/SANT-like DNA-binding domain-containing protein 4 (LOC109629309), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">XM_020108849.1</a>	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> insulin (ins), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_020108848.1</a>	PREDICTED: <b>Paralichthys olivaceus</b> insulin (ins), transcript variant X1, mRNA
18	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 12	Select seq <a href="#">LR132016.1</a> 10/1 17/1	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">LR132007.1</a> 10/1 17/1	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 10
25	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 7	Select seq <a href="#">LR131921.1</a> 6/1 7/1 16/1 18/1 19/1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">LR131917.1</a> 6/1 7/1 16/1 18/1 19/1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 10

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 4/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 4/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
42 Select seq <a href="#">XM_014194504.1</a>	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> cytosolic endo-beta-N-acetylglucosaminidase-like (LOC106602056), mRNA	Select seq <a href="#">BT049386.1</a>	<b>Salmo salar</b> clone ssal-rgb2-569-154 Insulin precursor putative mRNA, complete cds
43 Select seq <a href="#">XM_014194503.1</a>	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> retinoid-inducible serine carboxypeptidase-like (LOC106602055), mRNA	Select seq <a href="#">XM_014198195.1</a>	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> insulin-like (LOC106603941), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_014136745.1</a>	PREDICTED: <b>Salmo salar</b> insulin (LOC106567474), mRNA
		Select seq <a href="#">BT049203.1</a>	<b>Salmo salar</b> clone ssal-plnb-020-217 Insulin precursor putative mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">BT046764.1</a>	<b>Salmo salar</b> clone ssal-plnb-013-055 Insulin precursor putative mRNA, complete cds

**Analisi della  
Sequenza n° 5/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.10 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 5/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 17 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 17 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

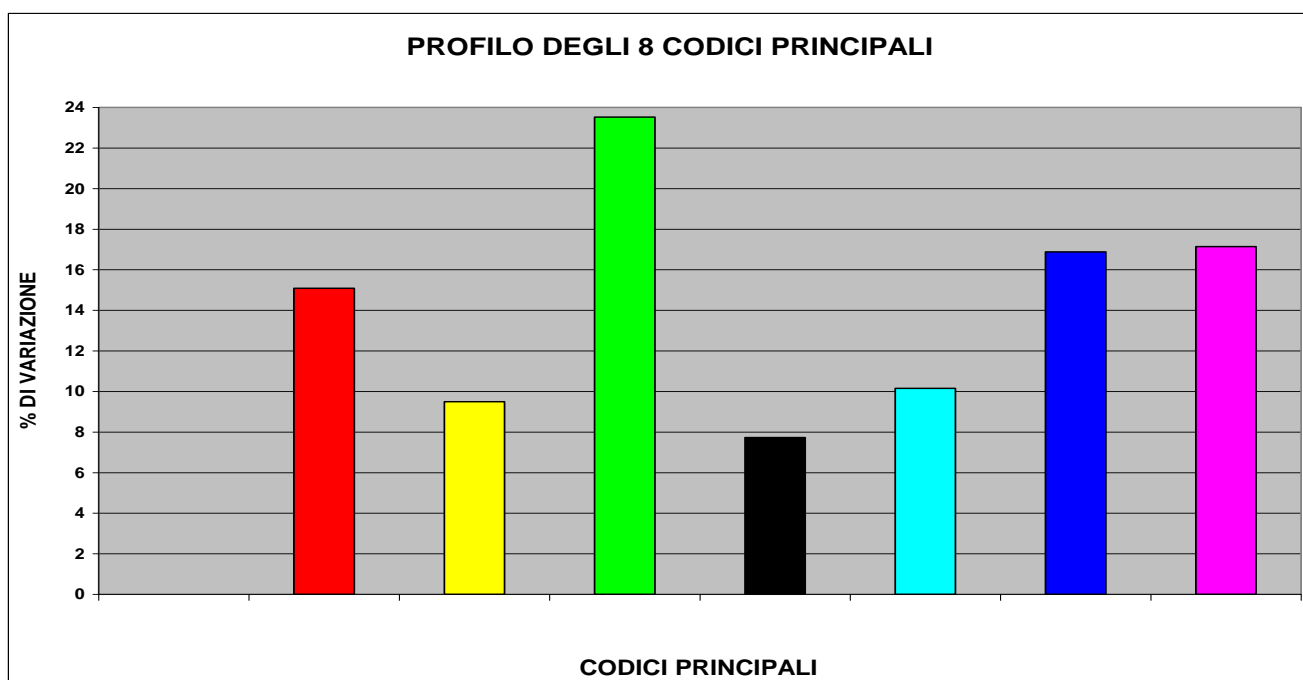


Fig. 17 (A)

Il grafico in Fig. 17 (B) si riferisce alla **quinta "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 5/1**) da quella originaria.

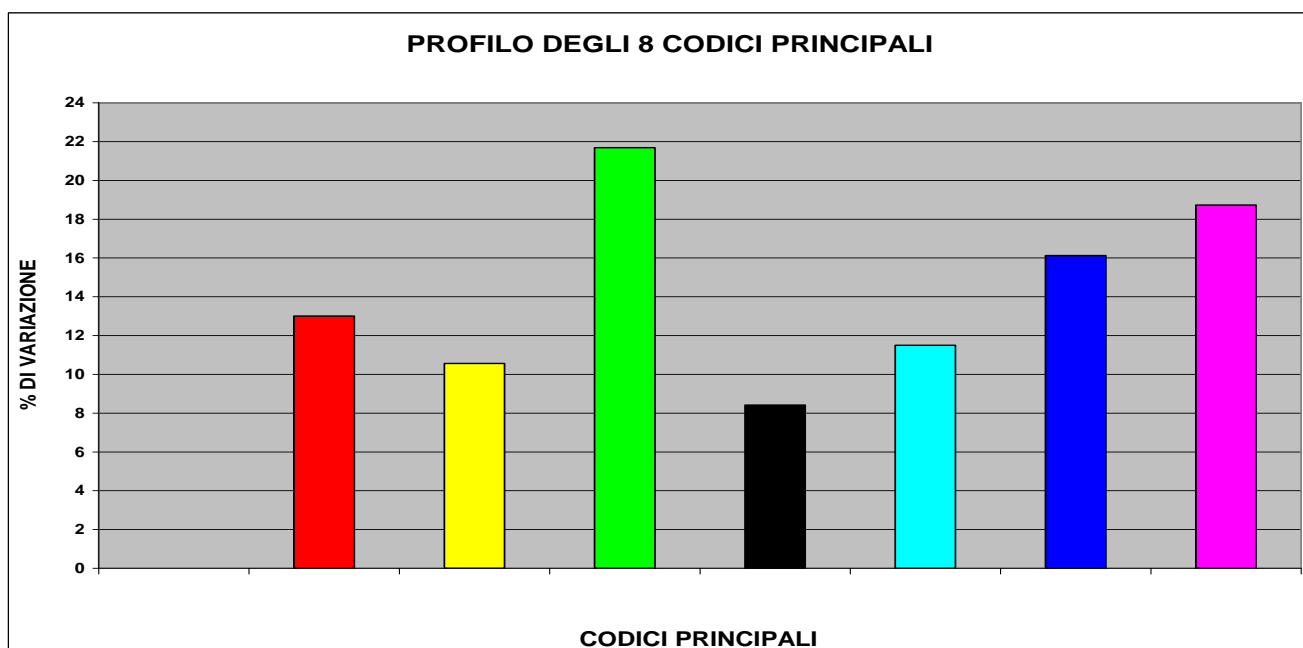
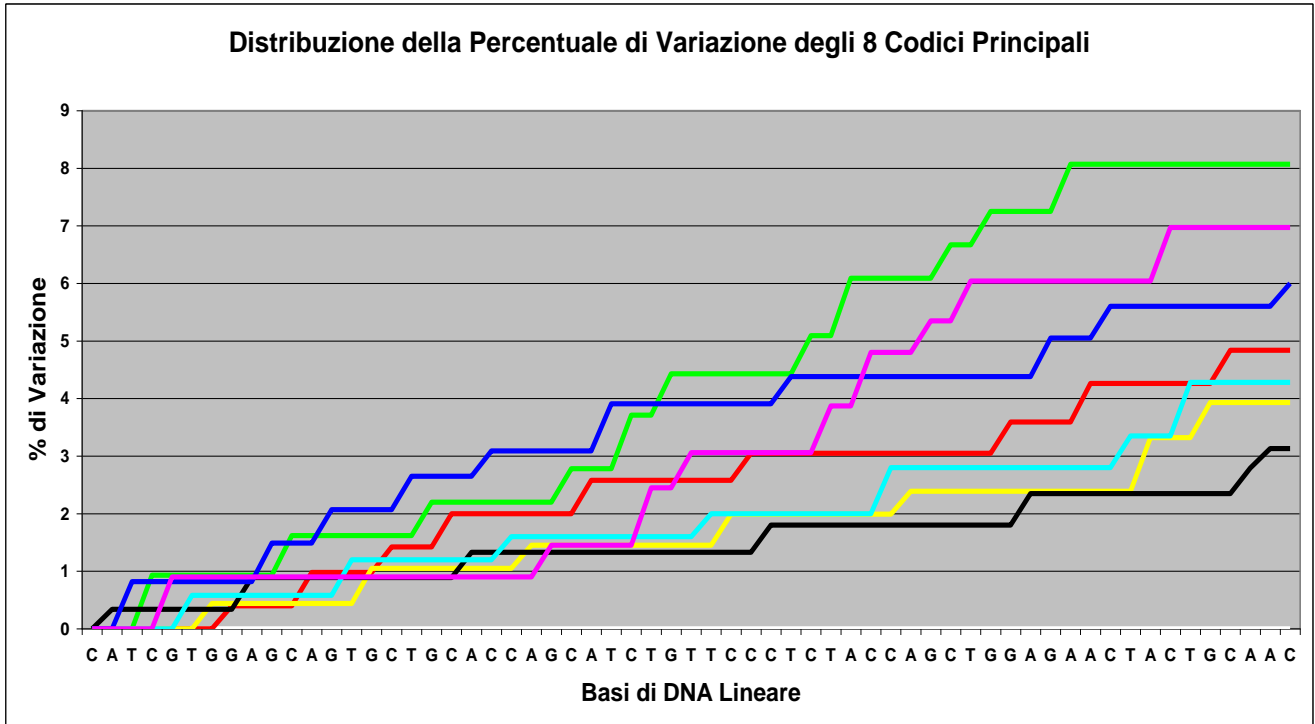


Fig. 17 (B)

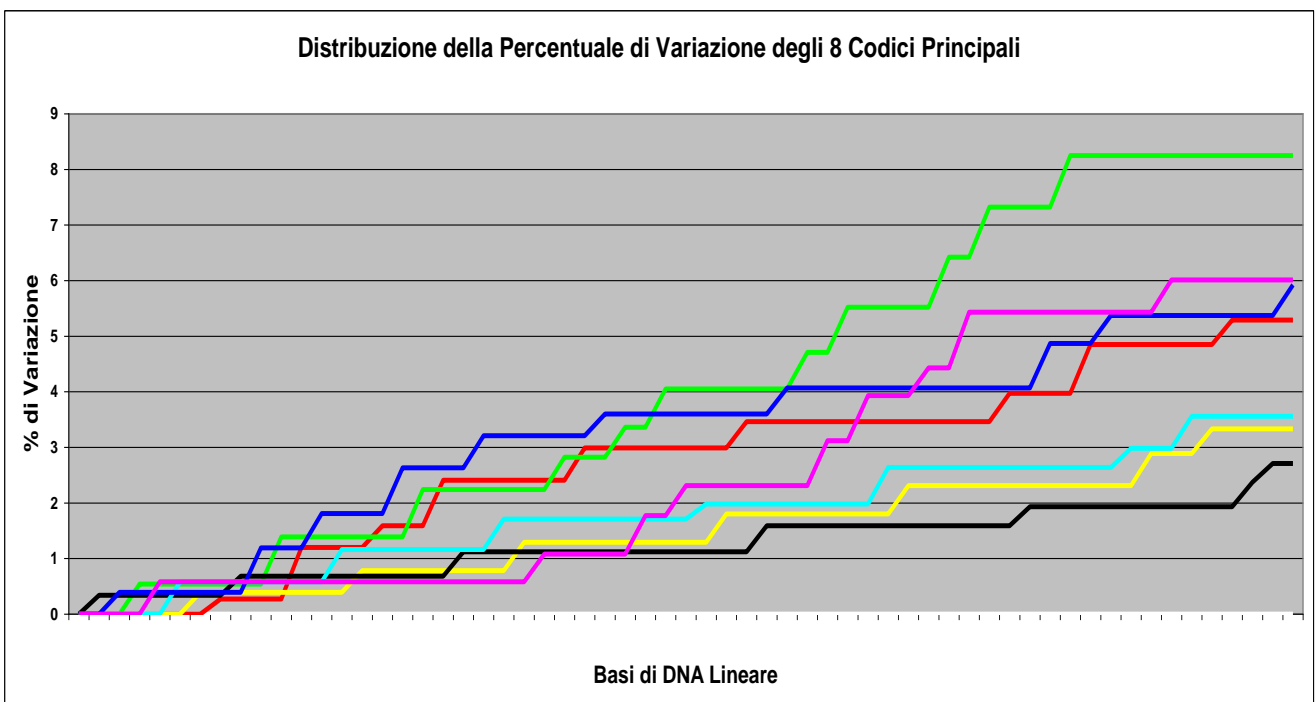
In Fig. 18 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 18 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 18 (A)**

Il grafico in Fig. 18 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.

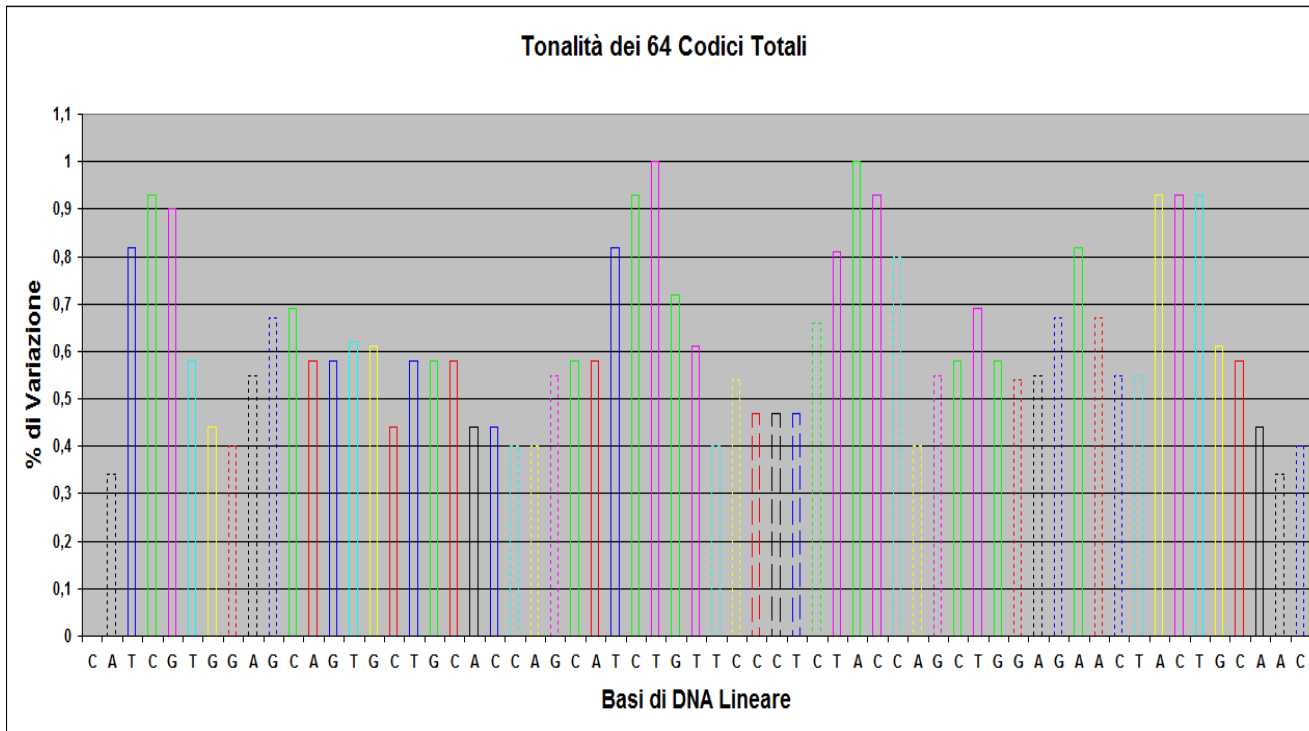


**Fig. 18 (B)**



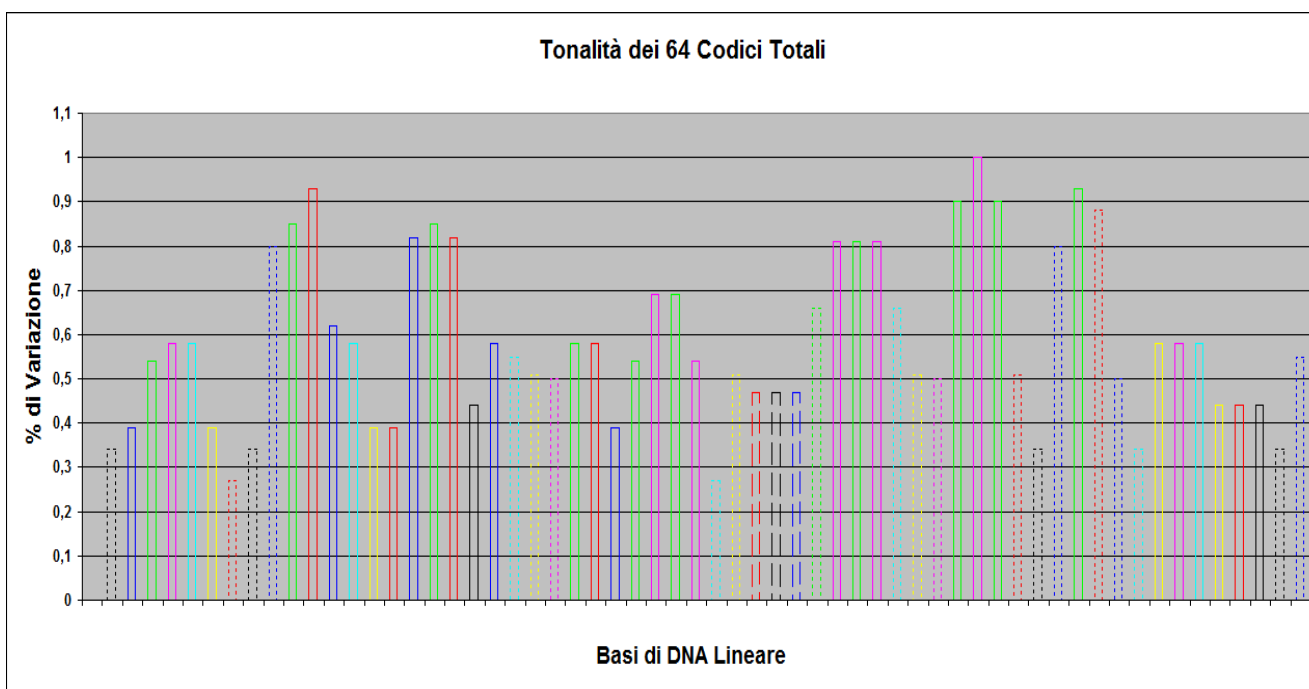
In Fig. 19 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 19 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



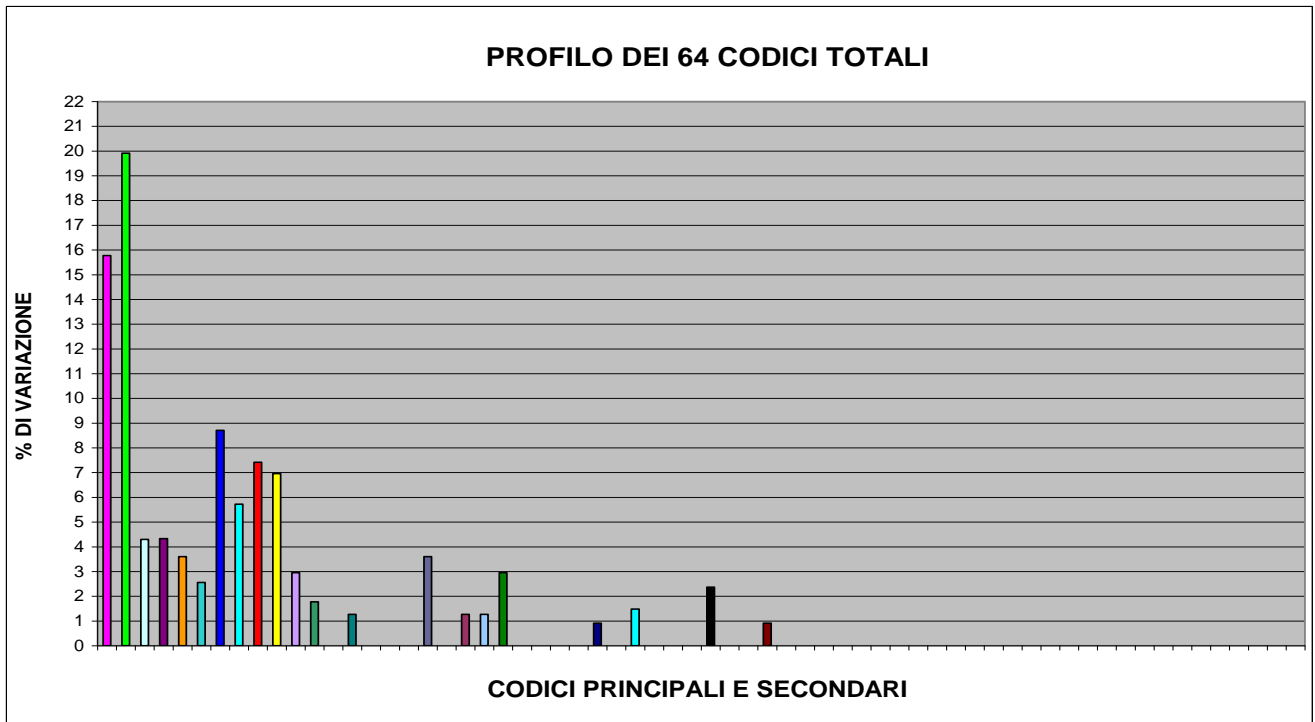
**Fig. 19 (A)**

Il grafico in Fig. 19 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



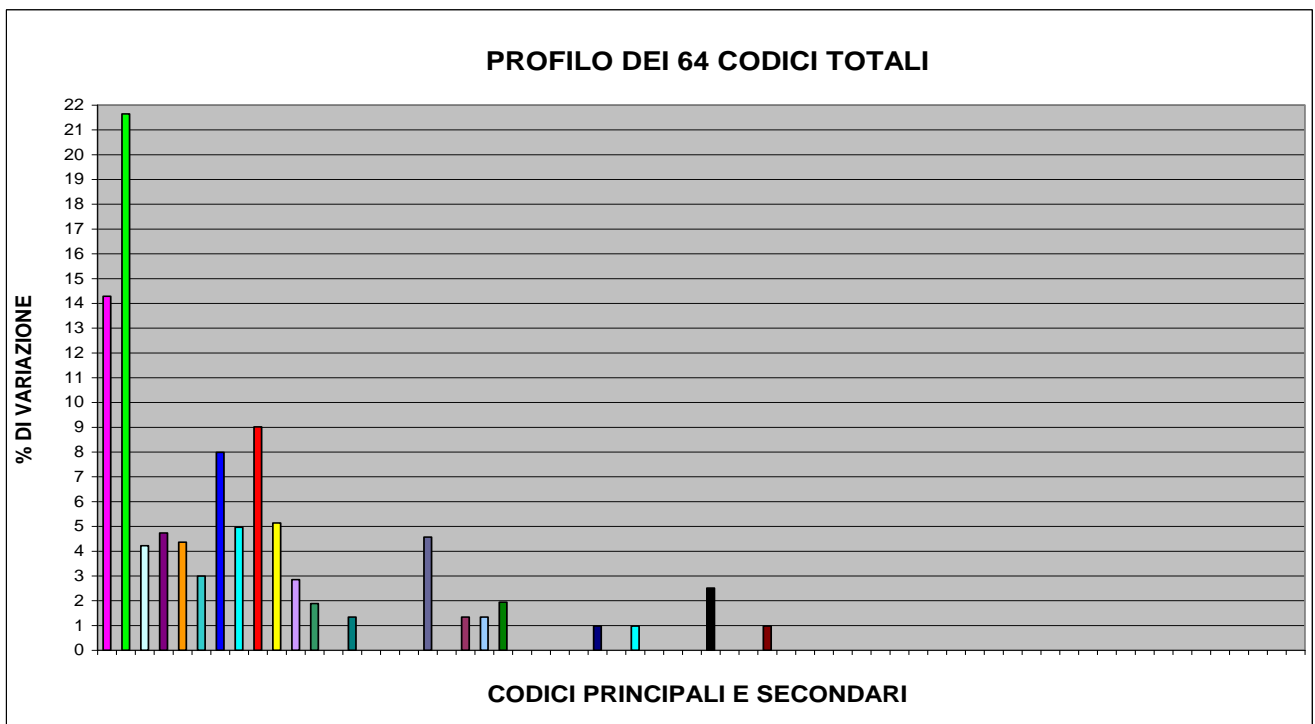
**Fig. 19 (B)**

In Fig. 20 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 20 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 20 (A)**

Il grafico in Fig. 20 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 20 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 5/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 5/1**, **SOLTANTO QUATTORDICI BASI** (il **22,22%**), **SONO UGUALI** (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.11 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 5/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 5/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 5/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 5/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 5/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 5/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 5/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 5/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 CP035913.1	<b>18/1</b> <b>Massilia</b> lutea strain DSM 17473 chromosome	41.9	41.9	47%	2.7	90%	<a href="#">CP035913.1</a>
2 CP026102.1	Paraburkholderia caribensis strain DSM 13236 chromosome 2, complete sequence	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">CP026102.1</a>
3 CP013348.1	Paraburkholderia caribensis strain Bcrs1W chromosome 2, complete sequence	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">CP013348.1</a>
4 CP013103.1	Paraburkholderia caribensis strain MWAP64 chromosome 2, complete sequence	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">CP013103.1</a>
5 CP012747.1	Paraburkholderia caribensis MBA4 chromosome 2, complete sequence	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">CP012747.1</a>
6 LK065890.1	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold1284	41.0	41.0	60%	2.7	89%	<a href="#">LK065890.1</a>
7 XM_013733515.1	PREDICTED: Brassica oleracea var. oleracea glutathione S-transferase T3-like (LOC106297235), mRNA	40.1	40.1	52%	9.5	88%	<a href="#">XM_013733515.1</a>
8 CP029526.1	<b>9/1 14/1</b> <b>Leishmania</b> donovani strain LdCL chromosome LdCL_27, complete sequence	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">CP029526.1</a>
9 CP027826.1	<b>9/1 14/1</b> <b>Leishmania</b> infantum strain TR01 isolate Lin_TR01 chromosome 27, complete sequence	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">CP027826.1</a>
10 CP022642.1	<b>9/1 14/1</b> <b>Leishmania</b> donovani strain pasteur chromosome 27, complete sequence	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">CP022642.1</a>
11 CP019535.1	<b>9/1 14/1</b> <b>Leishmania</b> donovani strain MHOM/IN/1983/AG83 isolate late passage chromosome 27 sequence	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">CP019535.1</a>
12 CP018594.1	<b>9/1 14/1</b> <b>Leishmania</b> donovani strain MHOM/IN/1983/AG83 isolate early passage chromosome 27 sequence	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">CP018594.1</a>
13 CP009678.1	Pectobacterium carotovorum subsp. odoriferum strain BC S7, complete genome	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">CP009678.1</a>
14 XM_008862763.1	Aphanomyces invadans hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_008862763.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
15 FR799614.1	<b>Leishmania</b> donovani BPK282A1 complete genome, chromosome 27	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">FR799614.1</a>
16 FR796423.1	<b>Leishmania</b> major strain Friedlin complete genome, chromosome 27	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">FR796423.1</a>
17 FR796459.1	<b>Leishmania</b> infantum JPCM5 genome chromosome 27	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">FR796459.1</a>

Confronto tra gli allineamenti della <b>Sequenza 5/1</b> e della <b>Sequenza della Catena A dell'Insulina</b> secondo il criterio delle <b>"Specie degli Organismi in Comune"</b> :			
<b>Allineamenti Sequenza 5/1</b>	<b>Descrizione</b>	<b>Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina</b>	<b>Descrizione</b>

6 Select seq <a href="#">LK065890.1</a>	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold1284	Select seq <a href="#">XM_026079009.1</a> <b>6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Apteryx</b> rowi insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_013957848.1</a> <b>6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Apteryx australis mantelli</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">LK064676.1</a> <b>6/1 17/1</b>	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold77

**Analisi della  
Sequenza n° 6/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1. 12 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 6/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 21 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 21 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

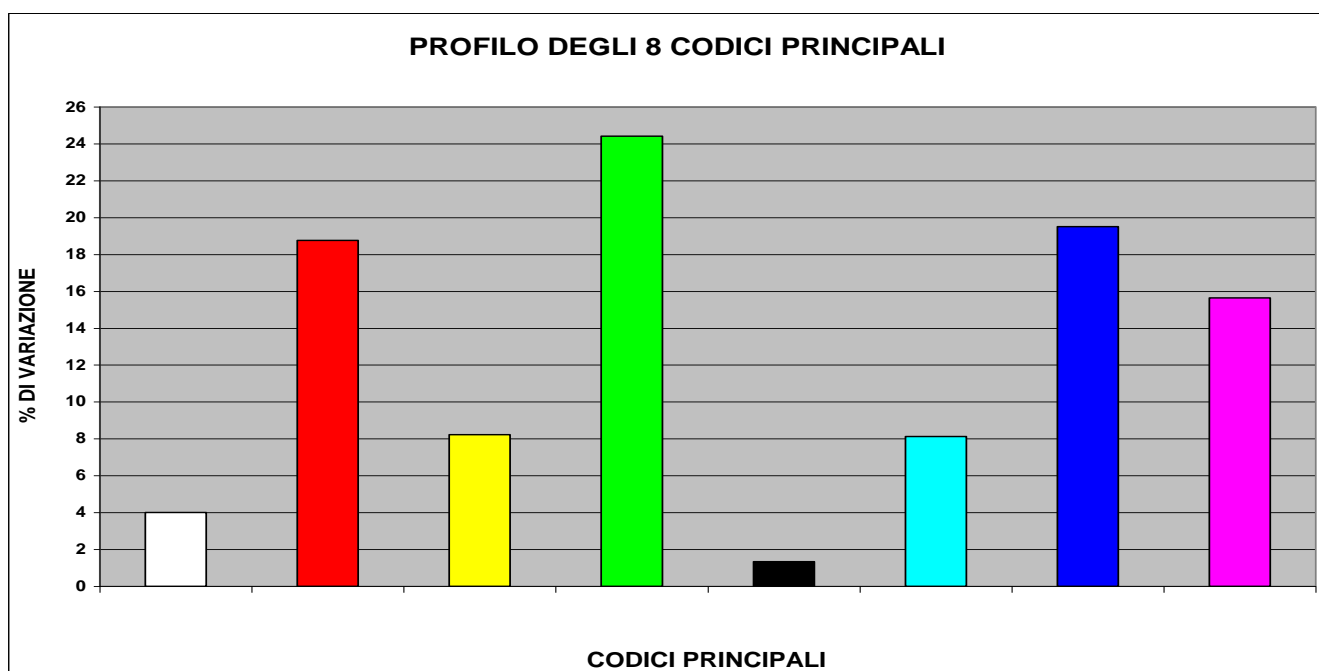


Fig. 21 (A)

Il grafico in Fig. 21 (B) si riferisce alla **sesta "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 6/1**) da quella originaria.

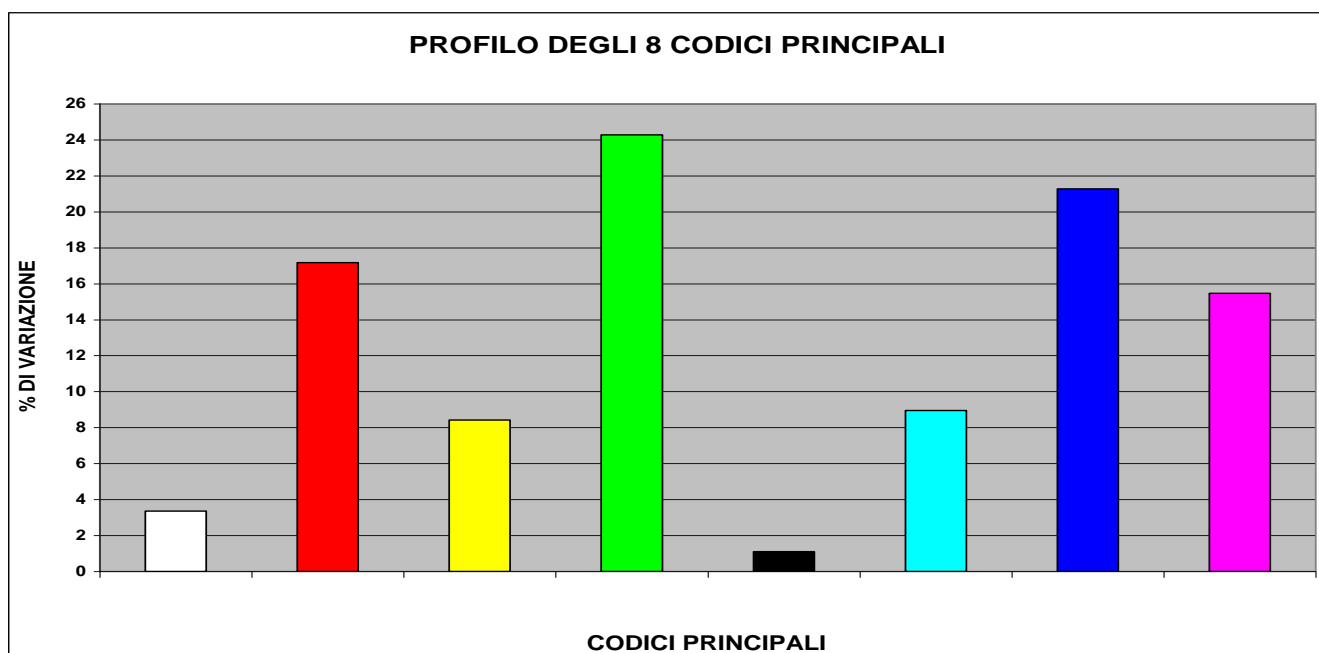
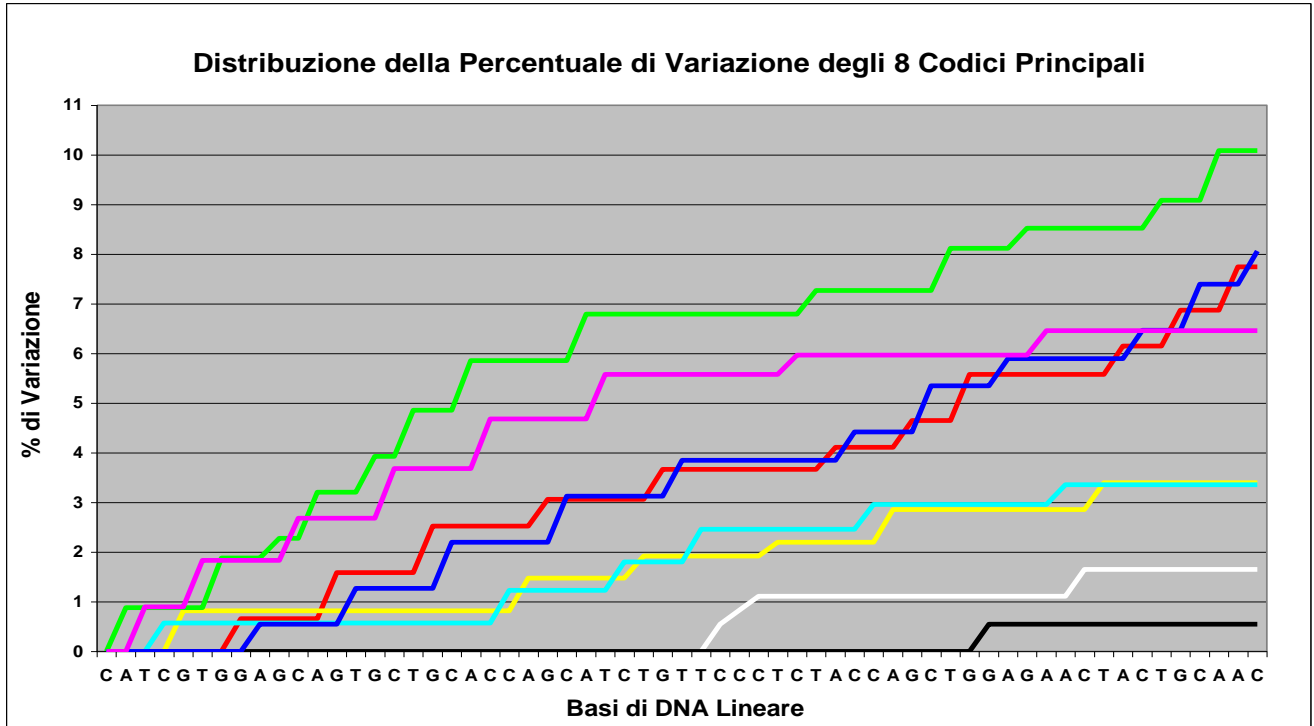


Fig. 21 (B)



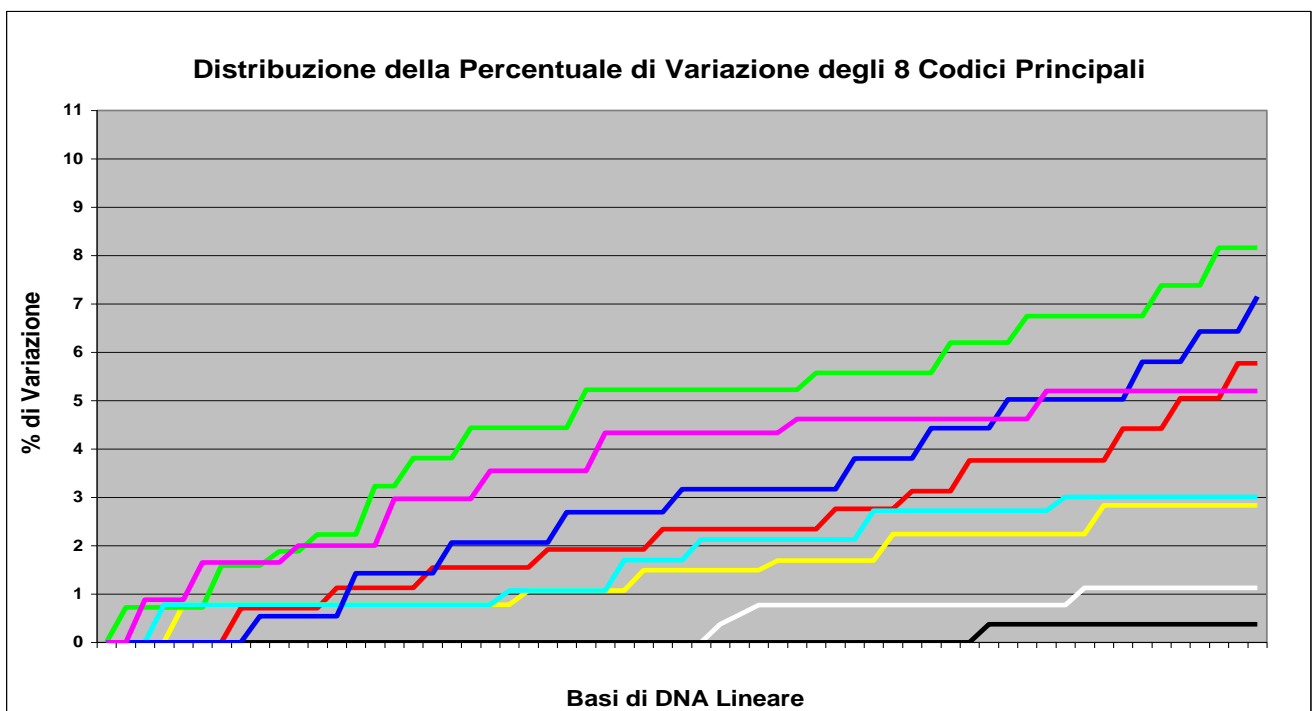
In Fig. 22 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 22 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 22 (A)**

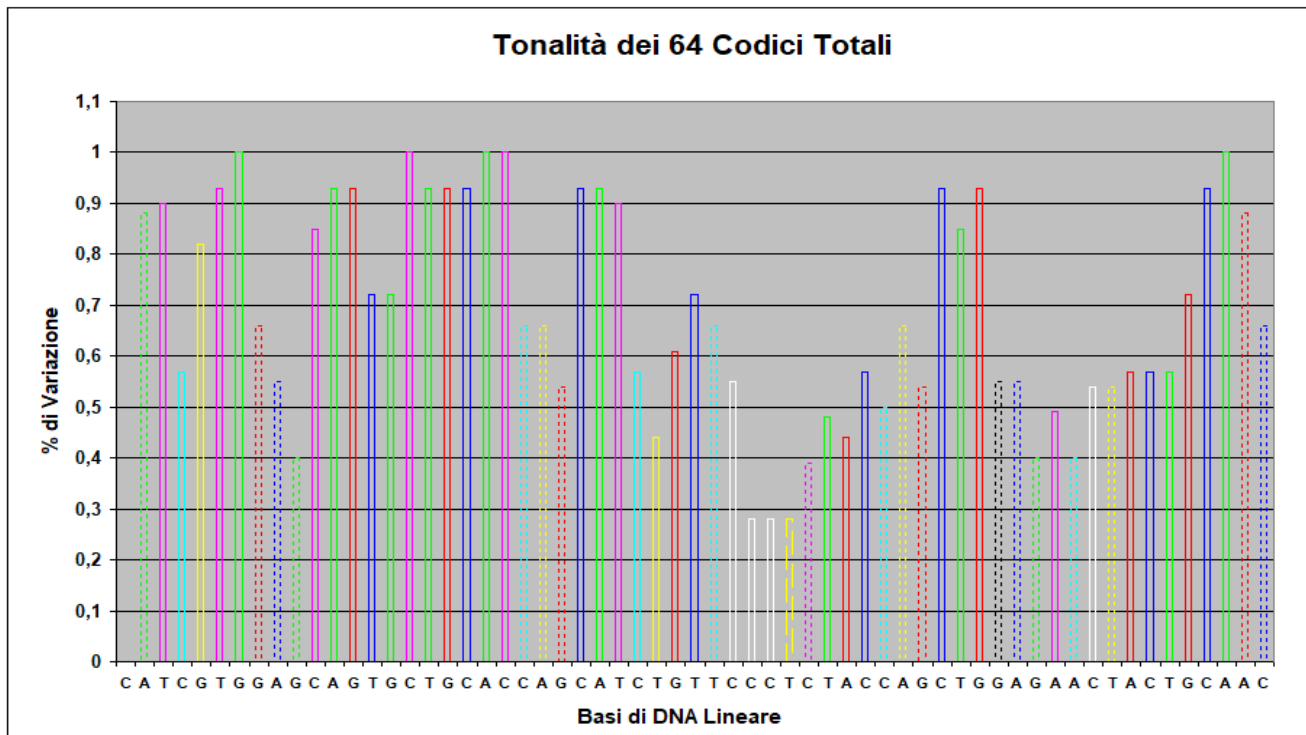
Il grafico in Fig. 22 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 22 (B)**

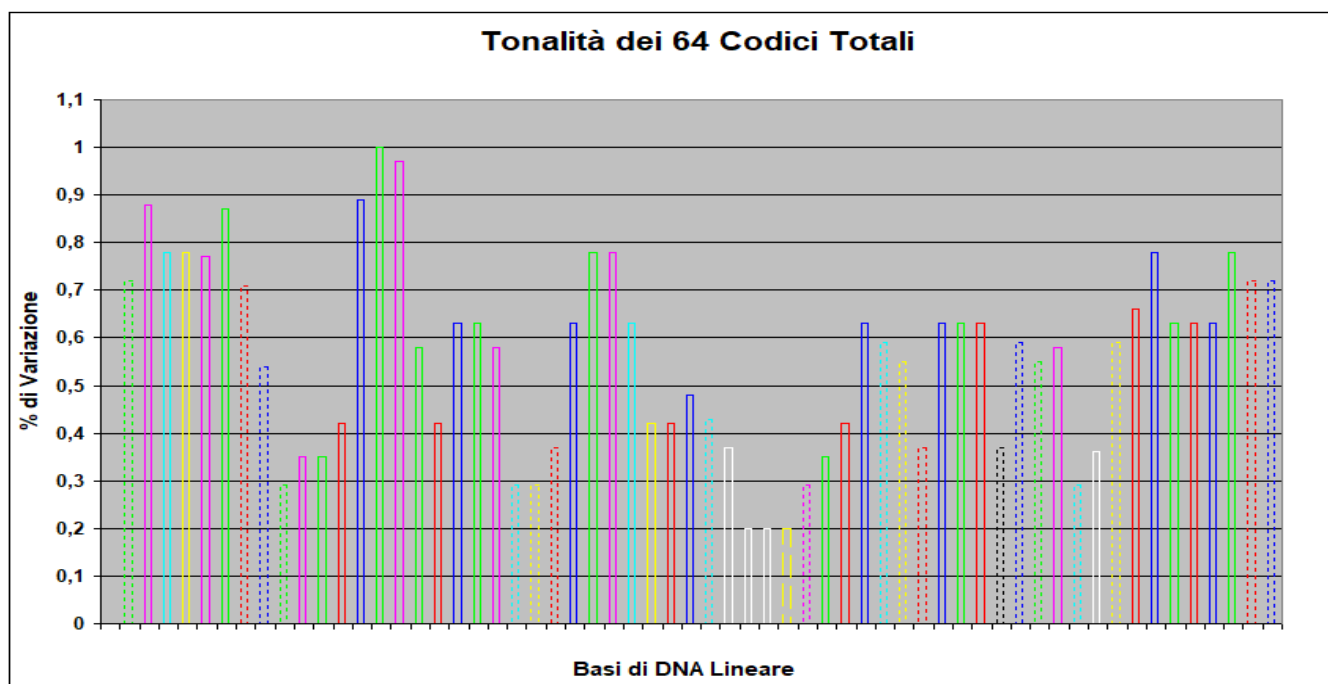
In Fig. 23 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 23 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



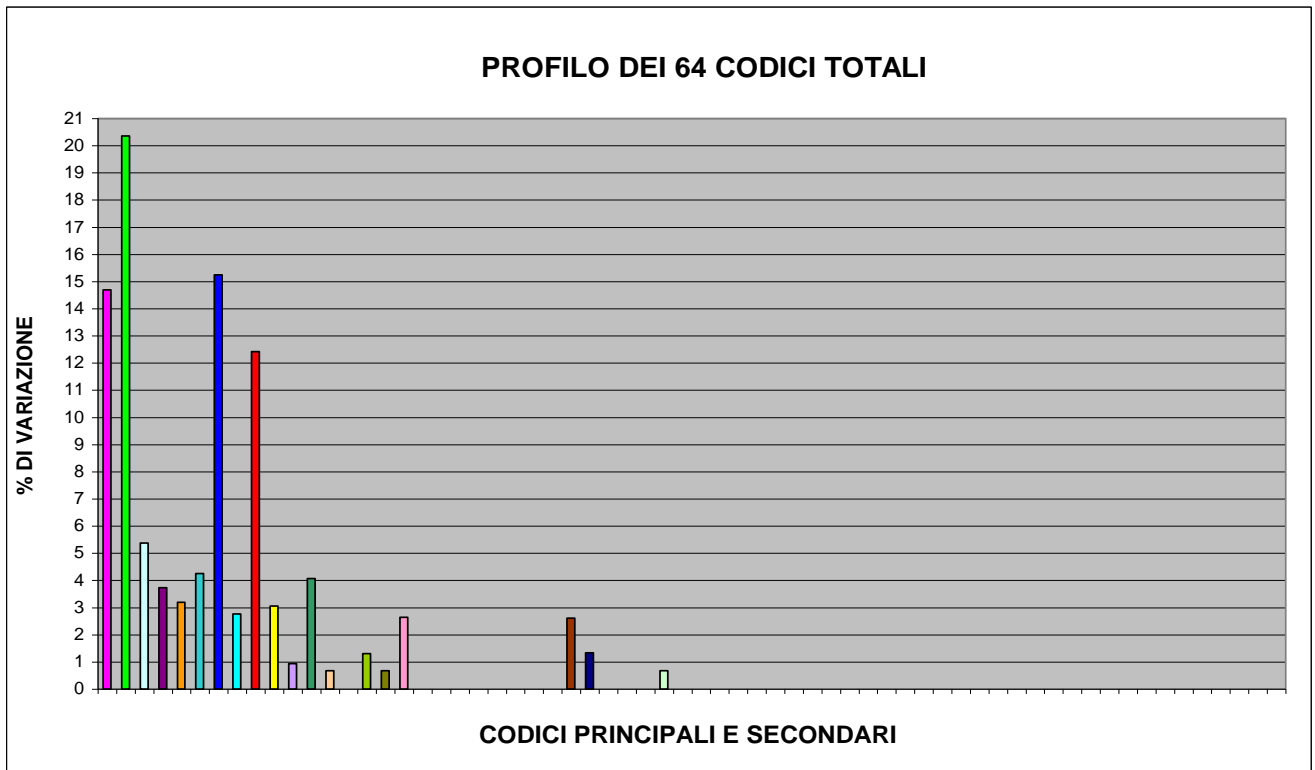
**Fig. 23 (A)**

Il grafico in Fig. 23 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



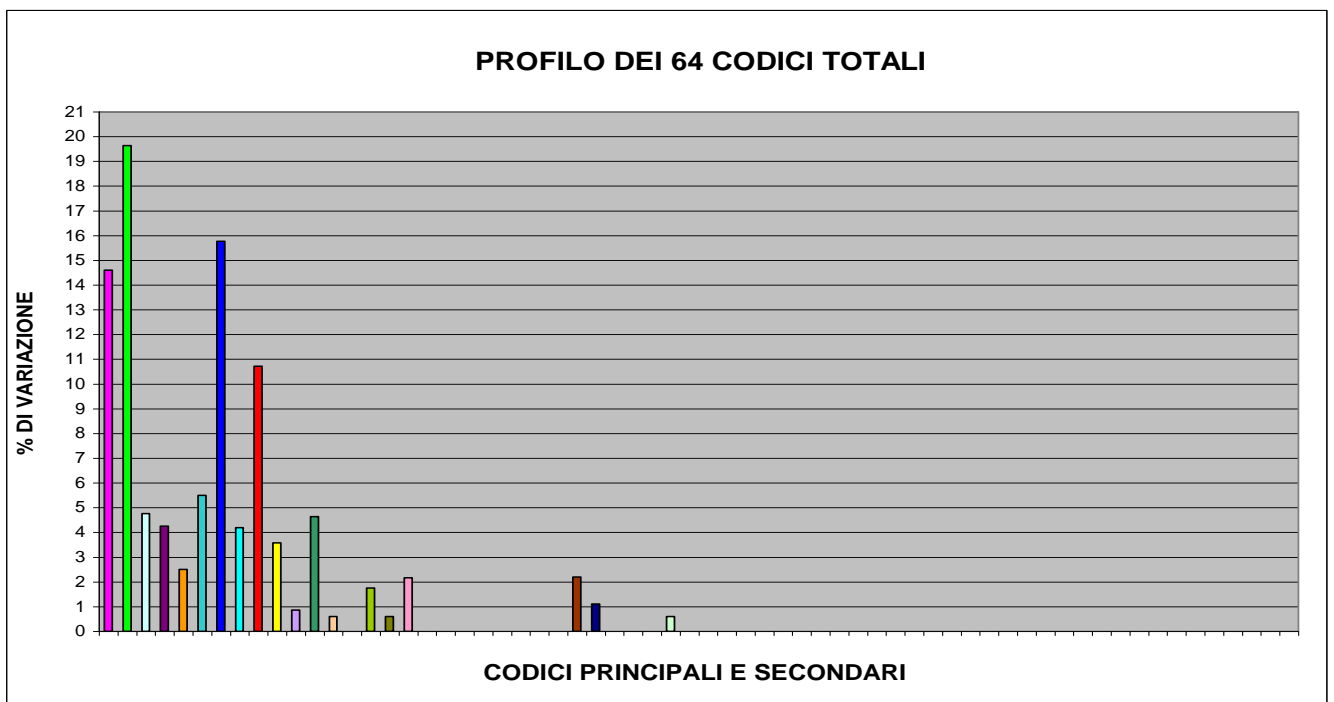
**Fig. 23 (B)**

In Fig. 24 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 24 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 24 (A)**

Il grafico in Fig. 24 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 24 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 6/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 6/1**, **SOLTANTO DICIASSETTE BASI** (il **26,98%**), **SONO UGUALI** (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

### 1.13 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 6/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 6/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

#### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 6/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 6/1)**

**Length = 63**

#### **Parametri della ricerca BLAST**

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

#### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 6/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 6/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 6/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 6/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 LN261386.1	<b>Spirometra erinaceieuropaei</b> genome assembly S_erinaceieuropaei, scaffold SPER_contig0059673	47.3	47.3	84%	0.063	85%	<a href="#">LN261386.1</a>
2 LN137640.1	<b>Spirometra erinaceieuropaei</b> genome assembly S_erinaceieuropaei, scaffold SPER_scaffold0126481	47.3	47.3	84%	0.063	85%	<a href="#">LN137640.1</a>
3 LN713262.1	Cucumis melo genomic chromosome, chr_8	45.5	45.5	42%	0.22	96%	<a href="#">LN713262.1</a>
4 LN681876.1	Cucumis melo genomic scaffold, anchoredscaffold00068	45.5	45.5	42%	0.22	96%	<a href="#">LN681876.1</a>
5 LS997567.1	Haemonchus contortus, ISE/inbred ISE, WGS project CAVP01000000 data, chromosome: _X	43.7	43.7	76%	0.77	86%	<a href="#">LS997567.1</a>
6 XR_003088295.1	PREDICTED: <b>Pelodiscus</b> <b>sinensis</b> uncharacterized LOC106731607 (LOC106731607), transcript variant X3, ncRNA	43.7	43.7	76%	0.77	81%	<a href="#">XR_003088295.1</a>
7 XR_003088294.1	PREDICTED: <b>Pelodiscus</b> <b>sinensis</b> uncharacterized LOC106731607 (LOC106731607), transcript variant X2, ncRNA	43.7	43.7	76%	0.77	81%	<a href="#">XR_003088294.1</a>
8 XR_003088293.1	PREDICTED: <b>Pelodiscus</b> <b>sinensis</b> uncharacterized LOC106731607 (LOC106731607), transcript variant X1, ncRNA	43.7	43.7	76%	0.77	81%	<a href="#">XR_003088293.1</a>
9 <a href="#">LR131937.1</a>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 7	42.8	42.8	52%	0.77	88%	<a href="#">LR131937.1</a>
10 XM_020885104.1	PREDICTED: <b>Odocoileus</b> <b>virginianus texanus</b> SEL1L ERAD E3 ligase adaptor subunit (SEL1L), transcript variant X2, mRNA	42.8	42.8	52%	0.77	88%	<a href="#">XM_020885104.1</a>
11 XM_020885103.1	PREDICTED: <b>Odocoileus</b> <b>virginianus texanus</b> SEL1L ERAD E3 ligase adaptor subunit (SEL1L), transcript variant X1, mRNA	42.8	42.8	52%	0.77	88%	<a href="#">XM_020885103.1</a>
12 LN713257.1	Cucumis melo genomic chromosome, chr_3	42.8	42.8	63%	0.77	83%	<a href="#">LN713257.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
13 LN681823.1	Cucumis melo genomic scaffold, anchoredscaffold00014	42.8	42.8	63%	0.77	83%	<a href="#">LN681823.1</a>
14 XM_027876443.1	PREDICTED: <b>Vombatus ursinus</b> SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily D member 1-like (LOC114053185), mRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XM_027876443.1</a>
15 XM_020966077.1	PREDICTED: <b>Phascolarctos cinereus</b> SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, .....	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XM_020966077.1</a>
16 CP011900.1	<b>Ovis canadensis canadensis</b> isolate 43U chromosome 15 sequence	41.9	41.9	63%	2.7	83%	<a href="#">CP011900.1</a>
17 LK064741.1	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold145	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">LK064741.1</a>
18 CP025671.1	<b>Ipomoea triloba</b> cultivar NCNSP0323 chromosome 12	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">CP025671.1</a>
19 CP025655.1	<b>Ipomoea</b> trifida cultivar NCNSP0306 chromosome 12	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">CP025655.1</a>
20 CP027776.1	<b>Clostridium botulinum</b> strain Mfbjulcb5 chromosome, complete genome	41.0	41.0	63%	2.7	85%	<a href="#">CP027776.1</a>
21 LN713260.1	Cucumis melo genomic chromosome, chr_6	41.0	41.0	53%	2.7	88%	<a href="#">LN713260.1</a>
22 LN681856.1	Cucumis melo genomic scaffold, anchoredscaffold00062	41.0	41.0	53%	2.7	88%	<a href="#">LN681856.1</a>
23 LK807208.1	<b>Dicrocoelium dendriticum</b> genome assembly D_dendriticum_Leon_v1_0_4, scaffold DDEL_scaffold0367659	41.0	41.0	73%	2.7	83%	<a href="#">LK807208.1</a>
24 LN590718.1	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold: LG9, chromosome: 9	41.0	41.0	61%	2.7	85%	<a href="#">LN590718.1</a>
25 XR_002800756.1	PREDICTED: <b>Equus caballus</b> uncharacterized LOC102147489 (LOC102147489), transcript variant X2, ncRNA	40.1	40.1	38%	9.4	96%	<a href="#">XR_002800756.1</a>
26 XR_288575.3	PREDICTED: <b>Equus caballus</b> uncharacterized LOC102147489 (LOC102147489), transcript variant X1, ncRNA	40.1	40.1	38%	9.4	96%	<a href="#">XR_288575.3</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
27 XM_013002676.1	<b>14/1</b> PREDICTED: <b>Erythranthe guttatus</b> protein trichome birefringence-like 33 (LOC105977375), mRNA	40.1	40.1	47%	9.4	90%	<a href="#">XM_013002676.1</a>
28 LN713259.1	Cucumis melo genomic chromosome, chr_5	40.1	40.1	60%	9.4	84%	<a href="#">LN713259.1</a>
29 LN681847.1	Cucumis melo genomic scaffold, anchoredscaffold00003	40.1	40.1	60%	9.4	84%	<a href="#">LN681847.1</a>
30 HE803073.1	Cucumis sativus xth23 gene for putative xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase, exons 1-5	40.1	40.1	38%	9.4	96%	<a href="#">HE803073.1</a>
31 XM_949121.1	Theileria annulata hypothetical protein partial mRNA	40.1	40.1	49%	9.4	88%	<a href="#">XM_949121.1</a>
32 XM_028321059.1	PREDICTED: Ostrinia furnacalis uncharacterized LOC114364760 (LOC114364760), transcript variant X7, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028321059.1</a>
33 XM_028321056.1	PREDICTED: Ostrinia furnacalis uncharacterized LOC114364760 (LOC114364760), transcript variant X6, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028321056.1</a>
34 XM_028321055.1	PREDICTED: Ostrinia furnacalis uncharacterized LOC114364760 (LOC114364760), transcript variant X5, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028321055.1</a>
35 XM_028321054.1	PREDICTED: Ostrinia furnacalis uncharacterized LOC114364760 (LOC114364760), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028321054.1</a>
36 XM_028321053.1	PREDICTED: Ostrinia furnacalis uncharacterized LOC114364760 (LOC114364760), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028321053.1</a>
37 XM_028321052.1	PREDICTED: Ostrinia furnacalis uncharacterized LOC114364760 (LOC114364760), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028321052.1</a>
38 XM_028321051.1	PREDICTED: Ostrinia furnacalis uncharacterized LOC114364760 (LOC114364760), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028321051.1</a>
39 CP036230.1	<b>17/1</b> <b>Talaromyces</b> funiculosus strain X33 chromosome 8	39.2	39.2	52%	9.4	88%	<a href="#">CP036230.1</a>
40 XM_026874233.1	<b>8/1</b> PREDICTED: <b>Trichoplusia</b> ni PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X11, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874233.1</a>



Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
41 XM_026874232.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X10, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874232.1</a>
42 XM_026874231.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X9, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874231.1</a>
43 XM_026874229.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X8, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874229.1</a>
44 XM_026874228.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X7, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874228.1</a>
45 XM_026874227.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X6, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874227.1</a>
46 XM_026874226.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X5, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874226.1</a>
47 XM_026874225.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874225.1</a>
48 XM_026874224.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874224.1</a>
49 XM_026874223.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874223.1</a>
50 XM_026874222.1	PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113495469), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026874222.1</a>
51 XM_026472782.1	PREDICTED: <i>Hyposmocoma kahamana</i> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113236620), transcript variant X7, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026472782.1</a>
52 XM_026472781.1	PREDICTED: <i>Hyposmocoma kahamana</i> PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113236620), transcript variant X6, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026472781.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
53 XM_026472780.1	PREDICTED: Hyposmocoma kahamanao PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113236620), transcript variant X5, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026472780.1</a>
54 XM_026472779.1	PREDICTED: Hyposmocoma kahamanao PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113236620), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026472779.1</a>
55 XM_026472778.1	PREDICTED: Hyposmocoma kahamanao PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113236620), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026472778.1</a>
56 XM_026472777.1	PREDICTED: Hyposmocoma kahamanao PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113236620), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026472777.1</a>
57 XM_026472776.1	PREDICTED: Hyposmocoma kahamanao PDZ and LIM domain protein 3 (LOC113236620), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_026472776.1</a>
58 MH430056.1	Cheilosia posjetica voucher MZH:Y1938 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">MH430056.1</a>
59 XM_022960961.1	PREDICTED: Spodoptera litura PDZ and LIM domain protein 3 (LOC111349736), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_022960961.1</a>
60 XM_022960960.1	PREDICTED: Spodoptera litura PDZ and LIM domain protein 3 (LOC111349736), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_022960960.1</a>
61 XM_022960959.1	PREDICTED: Spodoptera litura PDZ and LIM domain protein 3 (LOC111349736), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_022960959.1</a>
62 XM_022960958.1	PREDICTED: Spodoptera litura PDZ and LIM domain protein 3 (LOC111349736), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_022960958.1</a>
63 CP017351.1	<b>17/1</b> <a href="#">Talaromyces pinophilus strain 1-95</a> chromosome 8, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">CP017351.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
64 CP017348.1	<b>Talaromyces pinophilus strain 1-95</b> chromosome 5, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">CP017348.1</a>
65 XM_021345372.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X8, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345372.1</a>
66 XM_021345371.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X7, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345371.1</a>
67 XM_021345370.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X6, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345370.1</a>
68 XM_021345369.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X5, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345369.1</a>
69 XM_021345368.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345368.1</a>
70 XM_021345366.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345366.1</a>
71 XM_021345365.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345365.1</a>
72 XM_021345364.1	PREDICTED: Helicoverpa armigera PDZ and LIM domain protein 3 (LOC110384210), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_021345364.1</a>
73 XM_020453924.1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus kisutch</b> SPRY domain-containing SOCS box protein 3-like (LOC109865612), mRNA	39.2	39.2	57%	9.4	83%	<a href="#">XM_020453924.1</a>
74 CP016087.1	<b>Clostridium</b> saccharoperbutylacetonicum strain NI-504, complete genome	39.2	39.2	58%	9.4	86%	<a href="#">CP016087.1</a>
75 AP015034.1	Vigna angularis var. angularis DNA, chromosome 1, almost complete sequence, cultivar: Shumari	39.2	39.2	49%	9.4	87%	<a href="#">AP015034.1</a>
76 KM224499.1	Chalcosyrphus valgus voucher MZH:Y1787 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">KM224499.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
77 XM_013332988.1	PREDICTED: Amyeloid transitella PDZ and LIM domain protein 2 (LOC106133281), transcript variant X5, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_013332988.1</a>
78 XM_013332980.1	PREDICTED: Amyeloid transitella PDZ and LIM domain protein 2 (LOC106133281), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_013332980.1</a>
79 XM_013332971.1	PREDICTED: Amyeloid transitella PDZ and LIM domain protein 2 (LOC106133281), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_013332971.1</a>
80 XM_013332964.1	PREDICTED: Amyeloid transitella PDZ and LIM domain protein 2 (LOC106133281), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_013332964.1</a>
81 XM_013332955.1	PREDICTED: Amyeloid transitella PDZ and LIM domain protein 2 (LOC106133281), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">XM_013332955.1</a>
82 LN713265.1	Cucumis melo genomic chromosome, chr_11	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">LN713265.1</a>
83 LN681912.1	Cucumis melo genomic scaffold, anchoredscaffold00059	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">LN681912.1</a>
84 LM528888.1	<b>Strongyloides</b> papillosus genome assembly S_papillosus_LIN, scaffold SPAL_contig0003209	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">LM528888.1</a>
85 XM_009029397.1	<b>Helobdella robusta</b> hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">XM_009029397.1</a>
86 XM_008289952.1	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> transgelin (tagln), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">XM_008289952.1</a>
87 XM_008289951.1	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> transgelin (tagln), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">XM_008289951.1</a>
88 CP004121.1	<b>Clostridium</b> saccharoperbutylacetonicum N1-4(HMT), complete genome	39.2	39.2	58%	9.4	86%	<a href="#">CP004121.1</a>
89 DQ401783.1	Hadromyia crawfordi voucher ZMH_DNA_voucher_Y280 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401783.1</a>
90 DQ401780.1	Cacoceria willistoni voucher ZMH_DNA_voucher_Y256 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401780.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
91 DQ401778.1	Hadromyia crawfordi voucher ZMH_DNA_voucher_Y197 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401778.1</a>
92 DQ401775.1	Chalcosyrphus piger voucher ZMH_DNA_voucher_Y198 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401775.1</a>
93 DQ401773.1	Cacoceria cressoni voucher ZMH_DNA_voucher_Y122 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401773.1</a>
94 DQ401768.1	Chalcosyrphus tuberculifemur voucher ZMH_DNA_voucher_Y165 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401768.1</a>
95 DQ401765.1	Chalcosyrphus rufipes voucher ZMH_DNA_voucher_Y161 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401765.1</a>
96 DQ401764.1	Chalcosyrphus nitidus voucher ZMH_DNA_voucher_Y90 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401764.1</a>
97 DQ401756.1	Chalcosyrphus libo voucher ZMH_DNA_voucher_Y86 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401756.1</a>
98 DQ401755.1	Chalcosyrphus valgus voucher ZMH_DNA_voucher_Y62 28S ribosomal RNA gene, partial sequence	39.2	39.2	44%	9.4	93%	<a href="#">DQ401755.1</a>
99 CR925750.13	<b>Zebrafish</b> DNA sequence from clone CH211-242F23 in linkage group 10, complete sequence	39.2	39.2	66%	9.4	85%	<a href="#">CR925750.13</a>
100 AC117702.10	<b>Mus musculus</b> chromosome 10, clone RP23-464I2, complete sequence	39.2	39.2	71%	9.4	82%	<a href="#">AC117702.10</a>
101 AC161283.2	<b>Pan troglodytes</b> BAC clone CH251-354N8 from chromosome 7, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">AC161283.2</a>
102 AY727421.1	Trillium ovatum trnC-rpoB intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	39.2	39.2	49%	9.4	87%	<a href="#">AY727421.1</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 6/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 6/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
6 Select seq <a href="#">XR_003088295.1</a>	PREDICTED: <b>Pelodiscus sinensis</b> uncharacterized LOC106731607 (LOC106731607), transcript variant X3, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_006134914.3</a>	PREDICTED: <b>Pelodiscus sinensis</b> insulin (INS), mRNA
7 Select seq <a href="#">XR_003088294.1</a>	PREDICTED: <b>Pelodiscus sinensis</b> uncharacterized LOC106731607 (LOC106731607), transcript variant X2, ncRNA		
8 Select seq <a href="#">XR_003088293.1</a>	PREDICTED: <b>Pelodiscus sinensis</b> uncharacterized LOC106731607 (LOC106731607), transcript variant X1, ncRNA		
9 Select seq <a href="#">LR131937.1</a> <a href="#">4/1</a>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 7	Select seq <a href="#">LR131921.1</a> <a href="#">4/1</a> <a href="#">7/1</a> <a href="#">16/1</a> <a href="#">18/1</a> <a href="#">19/1</a>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">LR131917.1</a> <a href="#">4/1</a> <a href="#">7/1</a> <a href="#">16/1</a> <a href="#">18/1</a> <a href="#">19/1</a>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 10
10 Select seq <a href="#">XM_020885104.1</a>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> SEL1L ERAD E3 ligase adaptor subunit (SEL1L), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_020883287.1</a>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> insulin (LOC110130982), transcript variant X2, mRNA
11 Select seq <a href="#">XM_020885103.1</a>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> SEL1L ERAD E3 ligase adaptor subunit (SEL1L), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">XM_020883286.1</a>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> insulin (LOC110130982), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">XR_002314985.1</a>	PREDICTED: <b>Odocoileus virginianus texanus</b> uncharacterized LOC110141110 (LOC110141110), transcript variant X3, ncRNA

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 6/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 6/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
14 Select seq <a href="#">XM_027876443.1</a>	PREDICTED: <b>Vombatus ursinus</b> SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily D member 1-like (LOC114053185), mRNA	Select seq <a href="#">XM_027868681.1</a>	PREDICTED: <b>Vombatus ursinus</b> insulin (INS), mRNA
15 Select seq <a href="#">XM_020966077.1</a>	PREDICTED: <b>Phascolarctos cinereus</b> SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, .....	Select seq <a href="#">XM_020970881.1</a>	PREDICTED: <b>Phascolarctos cinereus</b> insulin (INS), mRNA
16 Select seq <a href="#">CP011900.1</a> <b>14/1 17/1</b>	<b>Ovis canadensis</b> canadensis isolate 43U chromosome 15 sequence	Select seq <a href="#">XM_027959829.1</a> <b>14/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Ovis</b> aries insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">AH005355.3</a> <b>14/1 17/1</b>	<b>Ovis</b> aries insulin and insulin-like growth factor II (IGF-II) genes, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_012167536.2</a> <b>14/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Ovis</b> aries musimon insulin (LOC105613195), mRNA
17 Select seq <a href="#">LK064741.1</a>	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold145	Select seq <a href="#">XM_026079009.1</a> <b>5/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Apteryx</b> rowi insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_013957848.1</a> <b>5/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Apteryx australis mantelli</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">LK064676.1</a> <b>5/1 17/1</b>	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold77
24 Select seq <a href="#">LN590718.1</a>	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold: LG9, chromosome: 9	Select seq <a href="#">XM_019069183.1</a> <b>4/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Cyprinus carpio</b> insulin-like (LOC109051698), mRNA

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 6/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 6/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">LN590733.1</a> 4/1 17/1	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000000053
25 Select seq <a href="#">XR_002800756.1</a>	PREDICTED: <b>Equus caballus</b> uncharacterized LOC102147489 (LOC102147489), transcript variant X2, ncRNA	Select seq <a href="#">XM_023654706.1</a>	PREDICTED: <b>Equus caballus</b> insulin (INS), mRNA
26 Select seq <a href="#">XR_288575.3</a>	PREDICTED: <b>Equus caballus</b> uncharacterized LOC102147489 (LOC102147489), transcript variant X1, ncRNA		
73 Select seq <a href="#">XM_020453924.1</a>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus kisutch</b> SPRY domain-containing SOCS box protein 3-like (LOC109865612), mRNA	Select seq <a href="#">XM_024402922.1</a> 10/1 17/1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus tshawytscha</b> insulin-like (LOC112234674), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_024402921.1</a> 10/1 17/1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus tshawytscha</b> insulin-like (LOC112234673), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_020464884.1</a> 10/1 17/1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus kisutch</b> insulin-like (LOC109873252), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001124670.1</a> 10/1 17/1	<b>Oncorhynchus mykiss</b> preproinsulin 2 (LOC100136703), mRNA
		Select seq <a href="#">L11712.1</a> 10/1 17/1	<b>Oncorhynchus</b> keta insulin gene, complete cds
86 Select seq <a href="#">XM_008289952.1</a>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> transgelin (tagln), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_008298714.1</a>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> insulin (LOC103369873), mRNA
87 Select seq <a href="#">XM_008289951.1</a>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> transgelin (tagln), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">XM_008302867.1</a>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC103373066), transcript variant X2, mRNA



Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 6/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 6/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">XM_008302866.1</a>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC103373066), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_008278129.1</a>	PREDICTED: <b>Stegastes partitus</b> insulin-like (LOC103354683), mRNA
100 Select seq AC117702.10	<b>Mus musculus</b> chromosome 10, clone RP23-464I2, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_021152514.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA
		Select seq <a href="#">DQ250565.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_021215010.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008386.4</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA
		Select seq <a href="#">BC145868.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ479923.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC163452.12</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-405C7, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC136710.8</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-35B13, complete sequence

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 6/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 6/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AC140320.2</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence
		Select seq <a href="#">BC098468.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds
		Select seq <a href="#">AK148541.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007345.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">XM_021168754.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021168753.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185084.2</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185083.2</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008387.5</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">JN959239.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 6/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle “**Specie degli Organismi in Comune**”:

Allineamenti Sequenza 6/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">JN951270.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">BC145554.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds
		Select seq <a href="#">BC099934.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds
		Select seq <a href="#">BC132650.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ250569.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AK007612.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007482.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">BC066208.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)
		Select seq <a href="#">AC012382.14</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899305.1</a> 1/1 8/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 6/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 6/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AC013548.13</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AP003182.2</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences
		Select seq <a href="#">GQ915612.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">XM_021204833.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021204825.1</a> <b>1/1 8/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA

101 Select seq <a href="#">AC161283.2</a>	<b>Pan troglodytes</b> BAC clone CH251-354N8 from chromosome 7, complete sequence	Select seq <a href="#">AH011814.2</a>	<b>Pan troglodytes</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial cds; and insulin precursor (INS) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_016919751.1</a>	PREDICTED: <b>Pan troglodytes</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001008996.2</a>	<b>Pan troglodytes</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">X61089.1</a>	<b>P.troglodytes</b> gene for preproinsulin

**Analisi della  
Sequenza n° 7/1 della  
Catena A dell'Insulina**

### 1.14 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 7/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 25 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 25 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

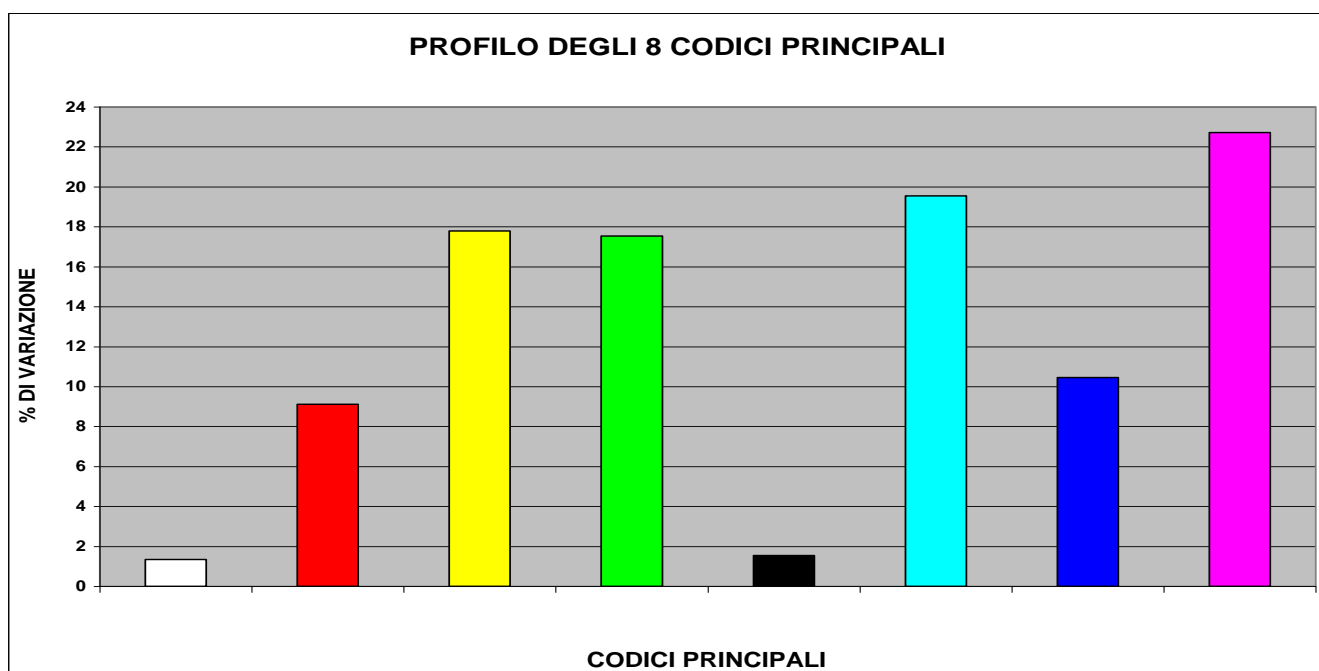


Fig. 25 (A)

Il grafico in Fig. 25 (B) si riferisce alla **settimana "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 7/1**) da quella originaria.

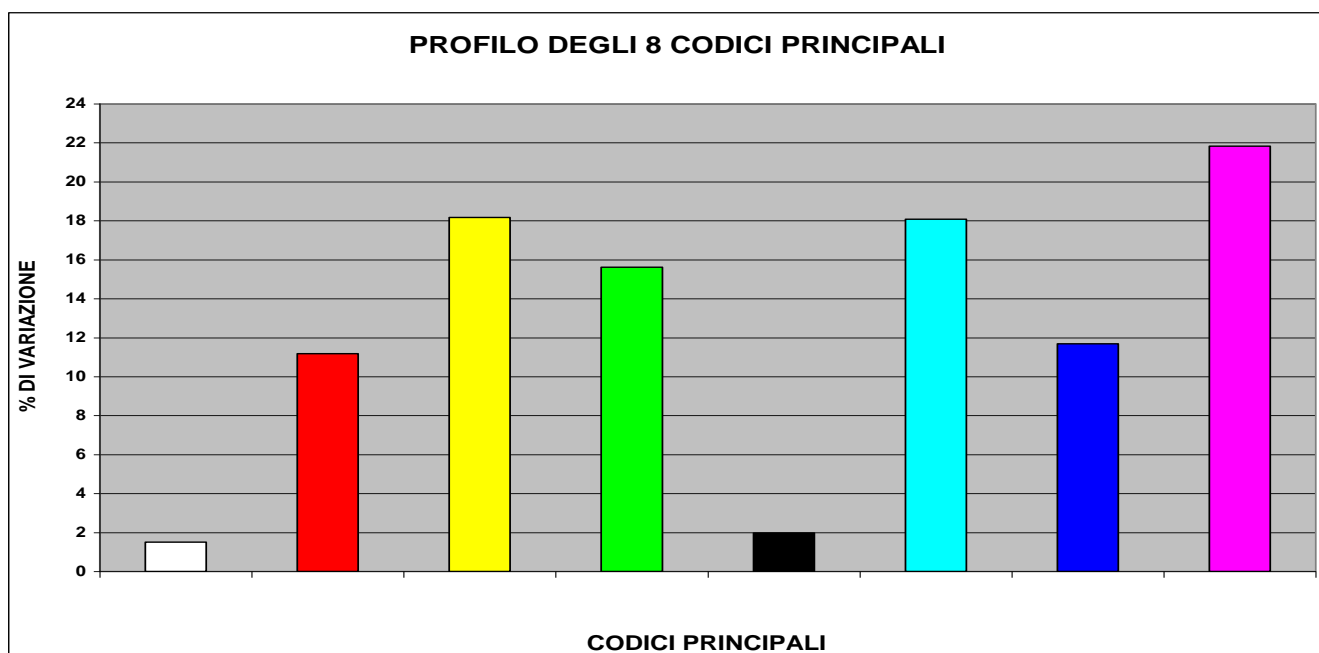
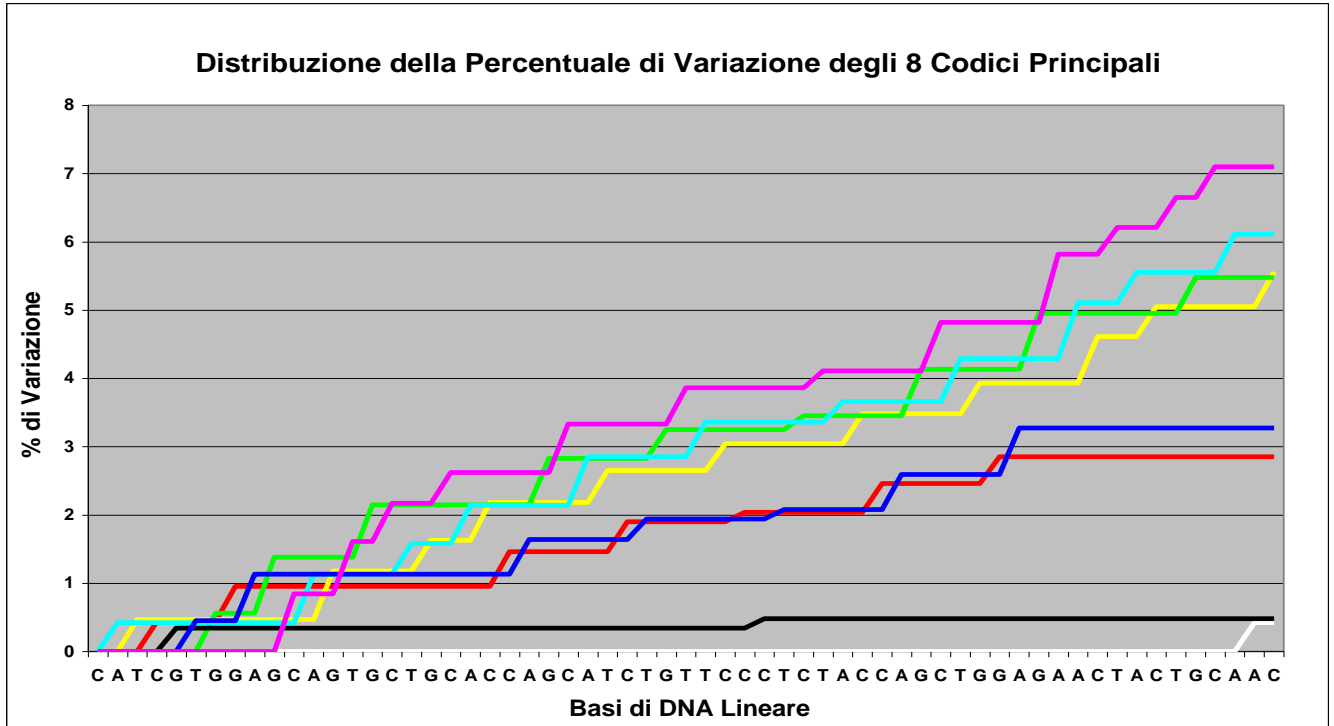


Fig. 25 (B)

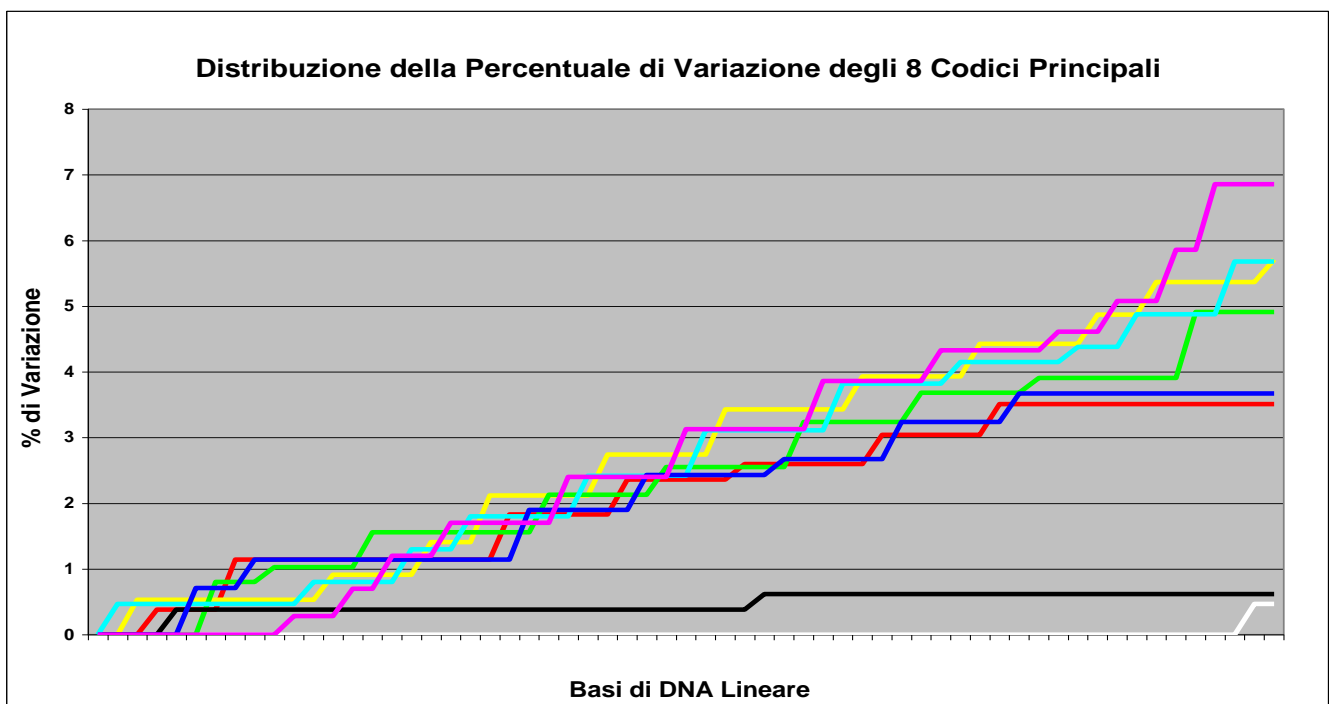
In Fig. 26 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 26 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 26 (A)**

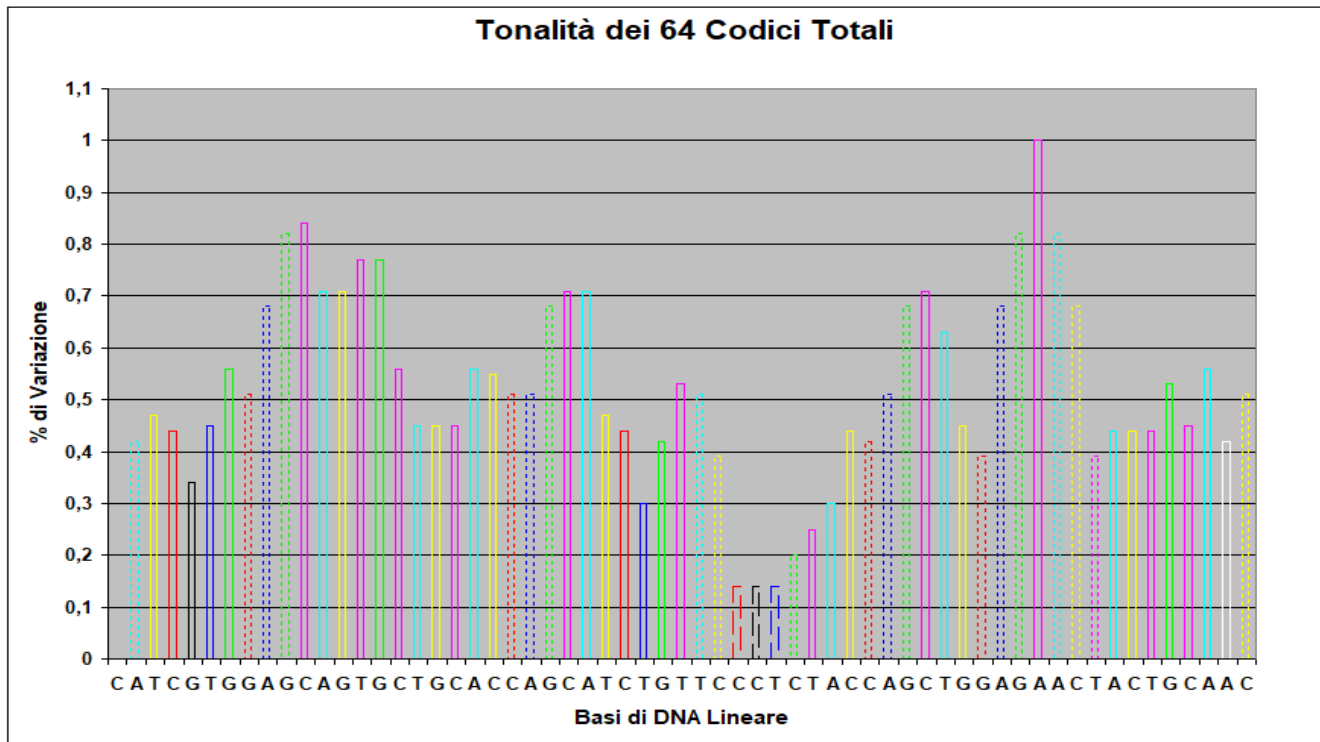
Il grafico in Fig. 26 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 26 (B)**

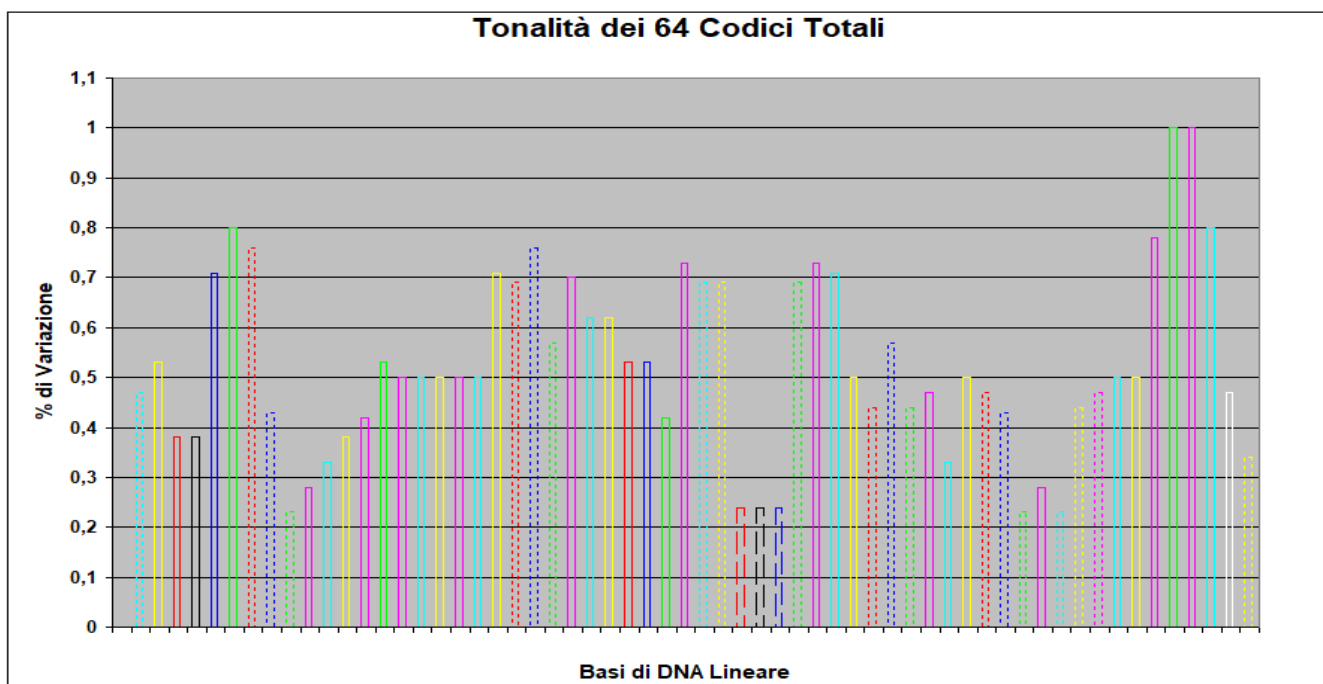
In Fig. 27 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 27 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 27 (A)**

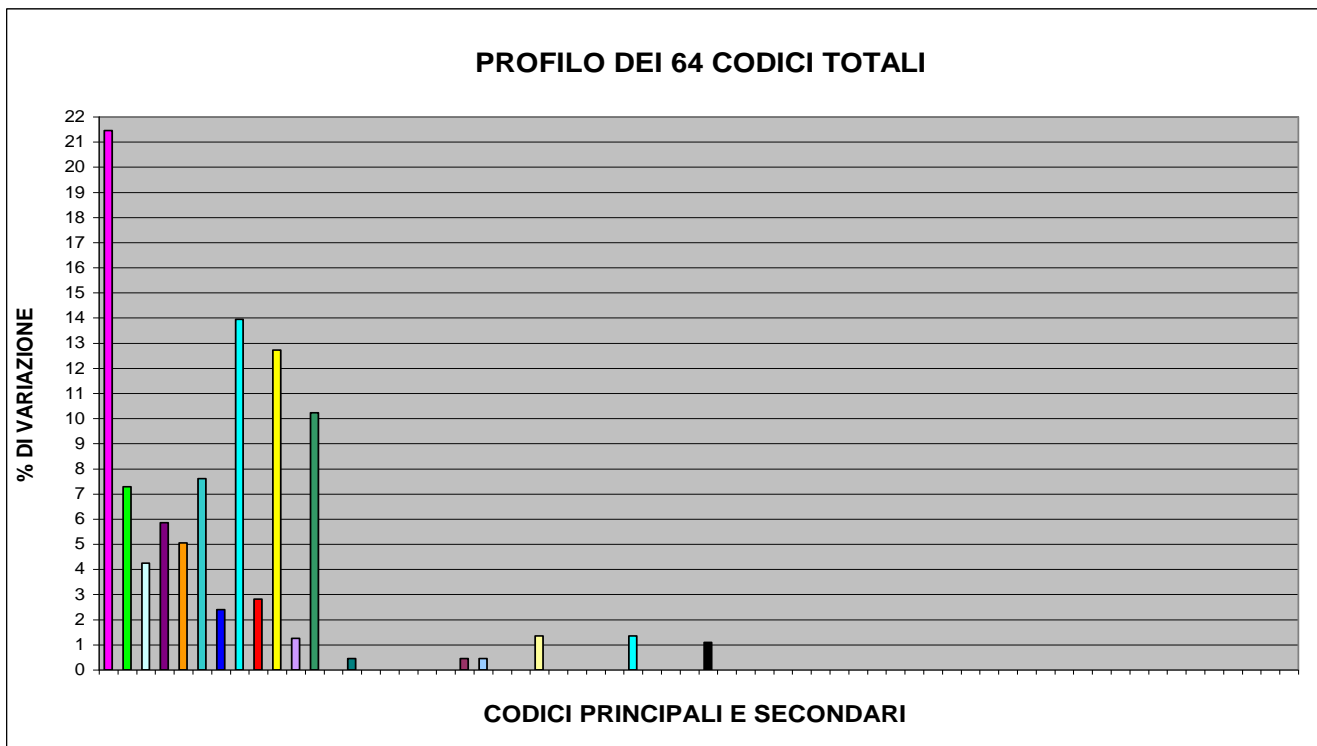
Il grafico in Fig. 27 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 27 (B)**

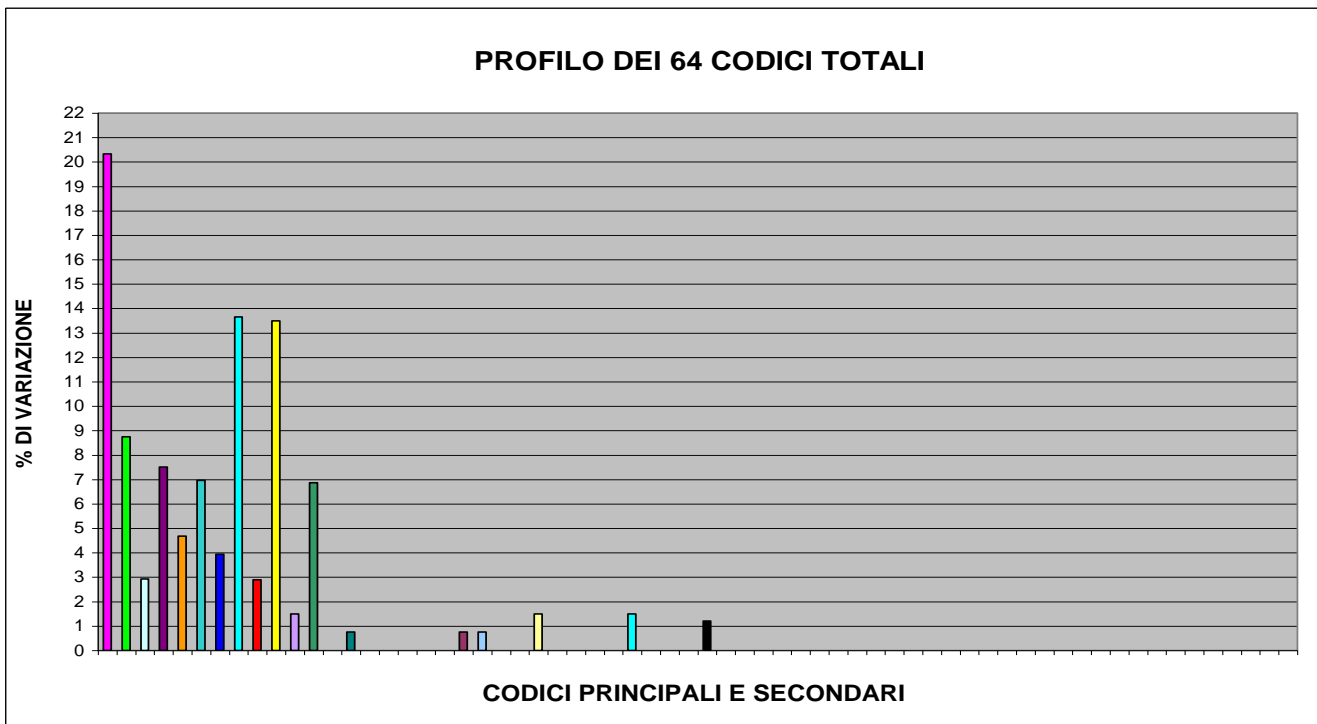


In Fig. 28 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 28 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 28 (A)**

Il grafico in Fig. 28 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 28 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 7/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 7/1**, **SOLTANTO QUATTORDICI BASI** (il **22,22%**), **SONO UGUALI** (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.15 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 7/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 7/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 7/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 7/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 7/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 7/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 7/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 7/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 <a href="#">LR131921.1</a>	<a href="#">Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 14</a>	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LR131921.1</a>
2 XM_006818034.1	PREDICTED: Saccoglossus kowalevskii protein phosphatase Slingshot homolog 2-like (LOC100376065), mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_006818034.1</a>

### Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 7/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **"Specie degli Organismi in Comune"**:

<b>Allineamenti Sequenza 7/1</b>	<b>Descrizione</b>	<b>Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina</b>	<b>Descrizione</b>
1 Select seq <a href="#">LR131921.1</a> <b>19/1</b>	<a href="#">Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 14</a>	Select seq <a href="#">LR131921.1</a> <b>4/1 6/1 16/1</b> <b>18/1 19/1</b>	<a href="#">Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 14</a>
		Select seq <a href="#">LR131917.1</a> <b>4/1 6/1 16/1</b> <b>18/1 19/1</b>	<a href="#">Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 10</a>

**Analisi della  
Sequenza n° 8/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1. 16 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 8/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 29 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 29 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

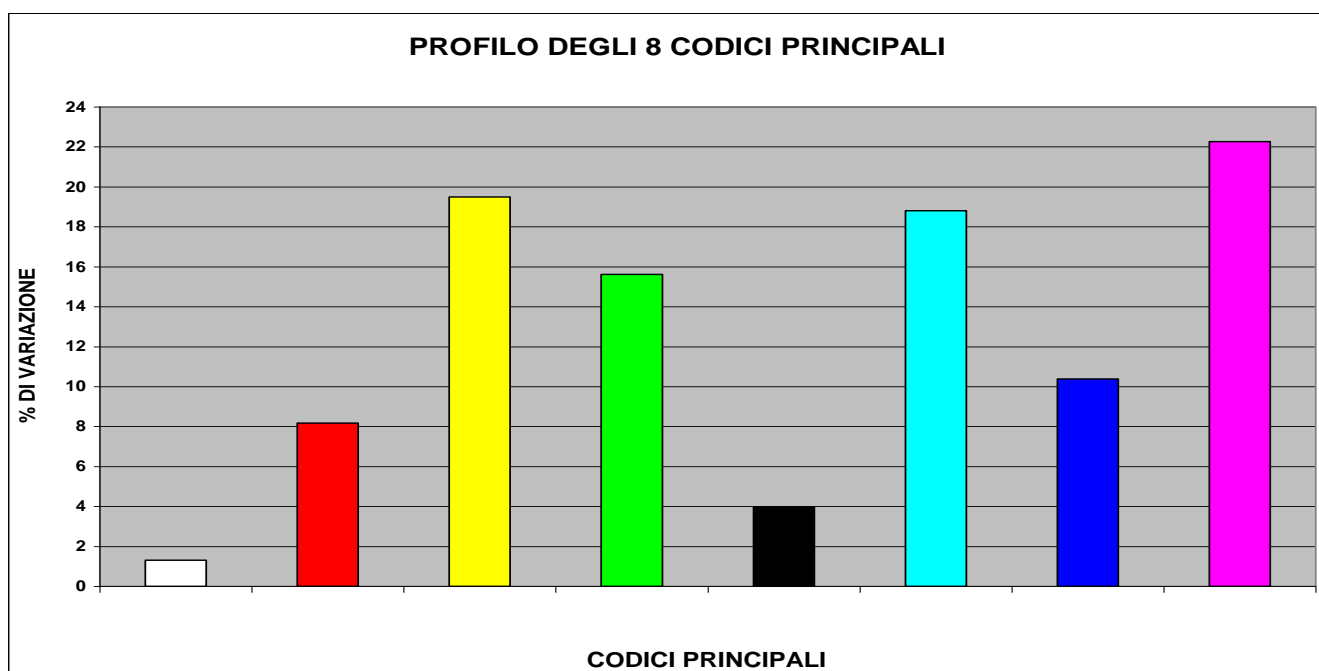


Fig. 29 (A)

Il grafico in Fig. 29 (B) si riferisce all'**ottava** "nuova sequenza generata" (la **Sequenza n° 8/1**) da quella originaria.

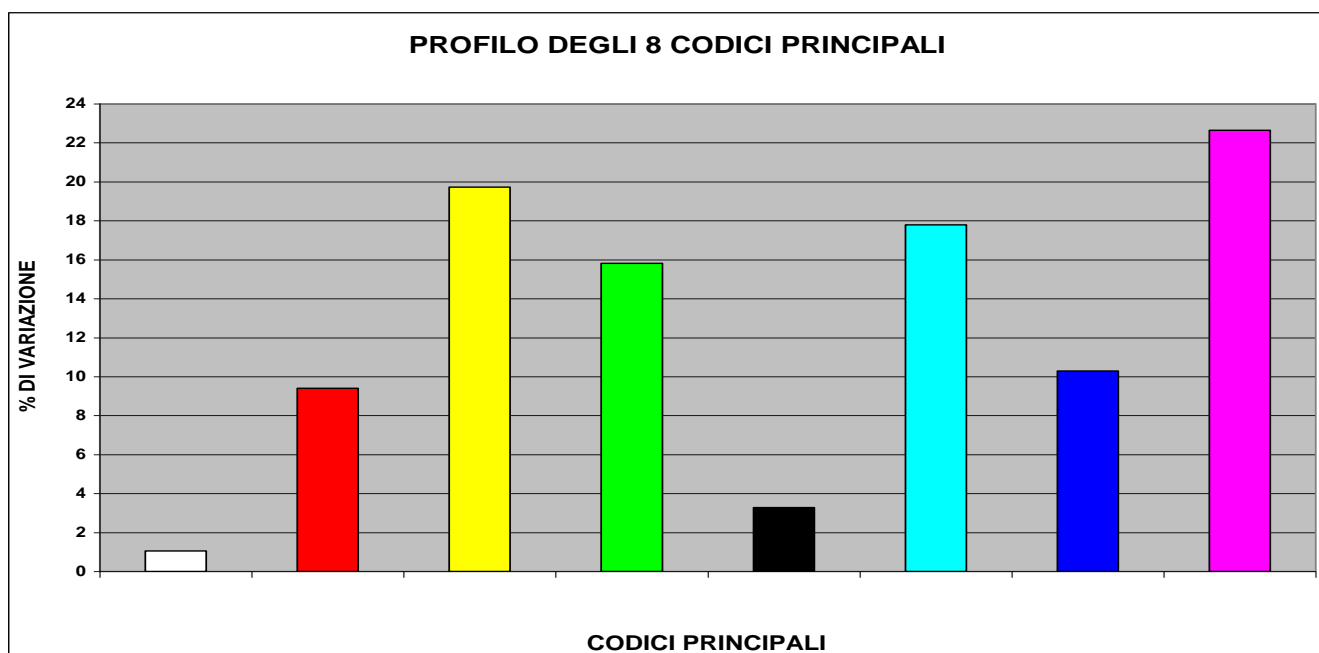
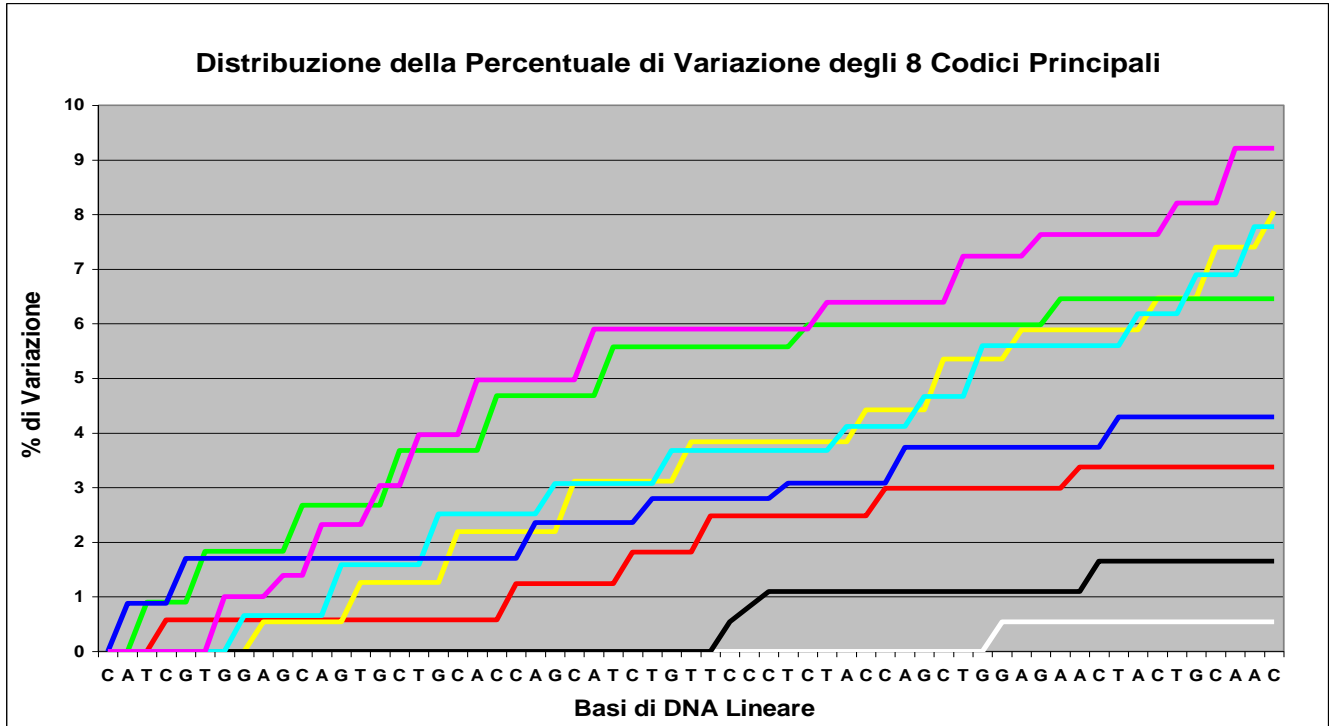


Fig. 29 (B)

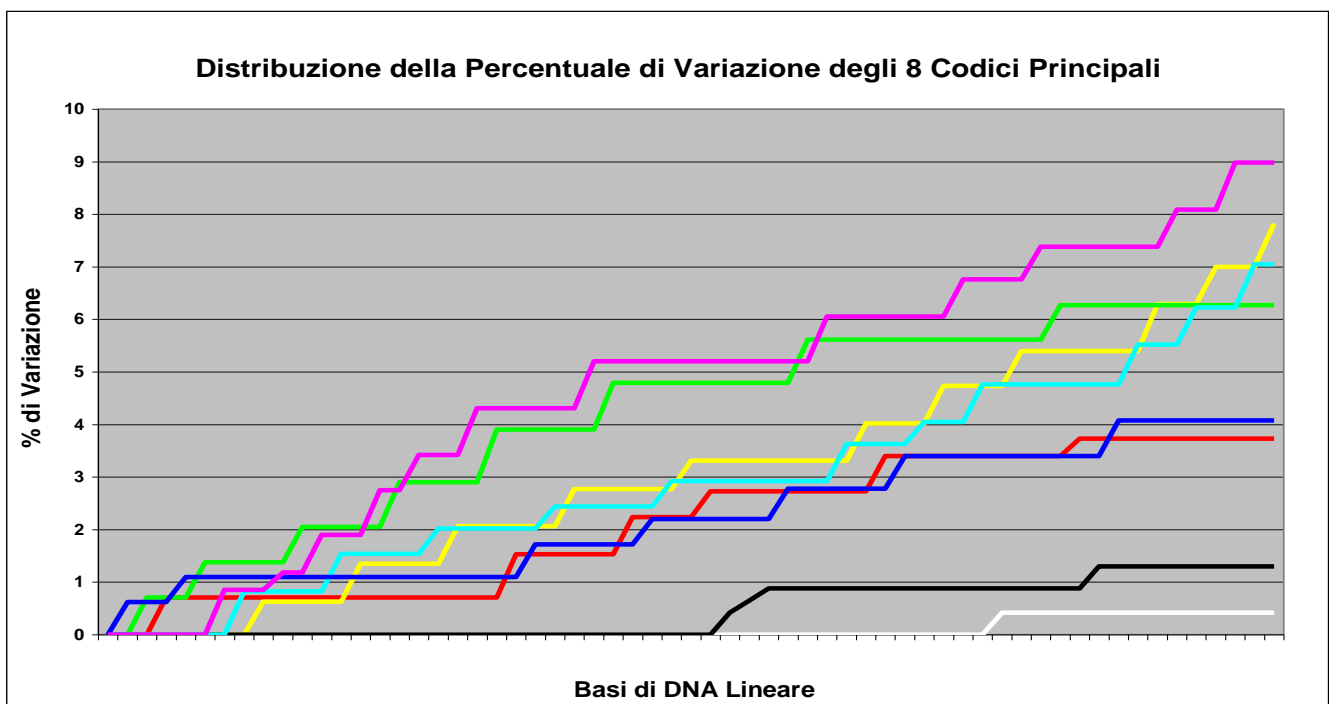
In Fig. 30 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 30 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 30 (A)**

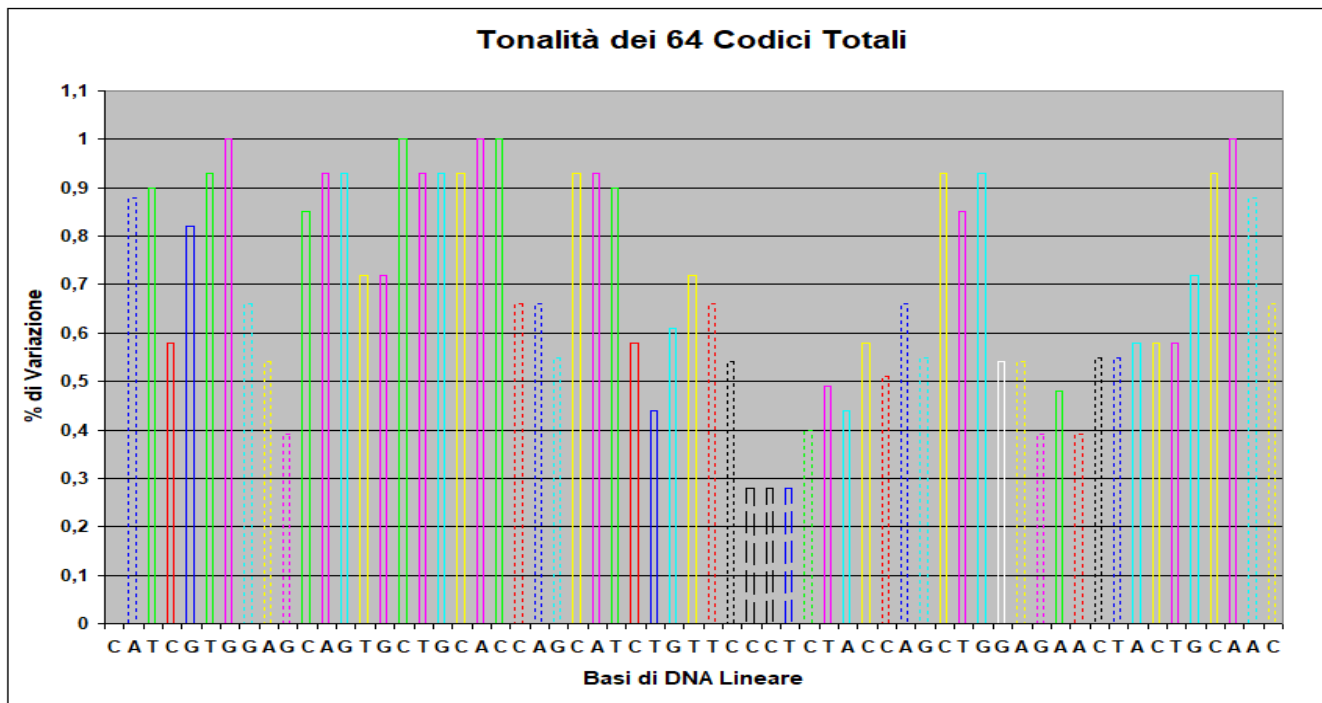
Il grafico in Fig. 30 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 30 (B)**

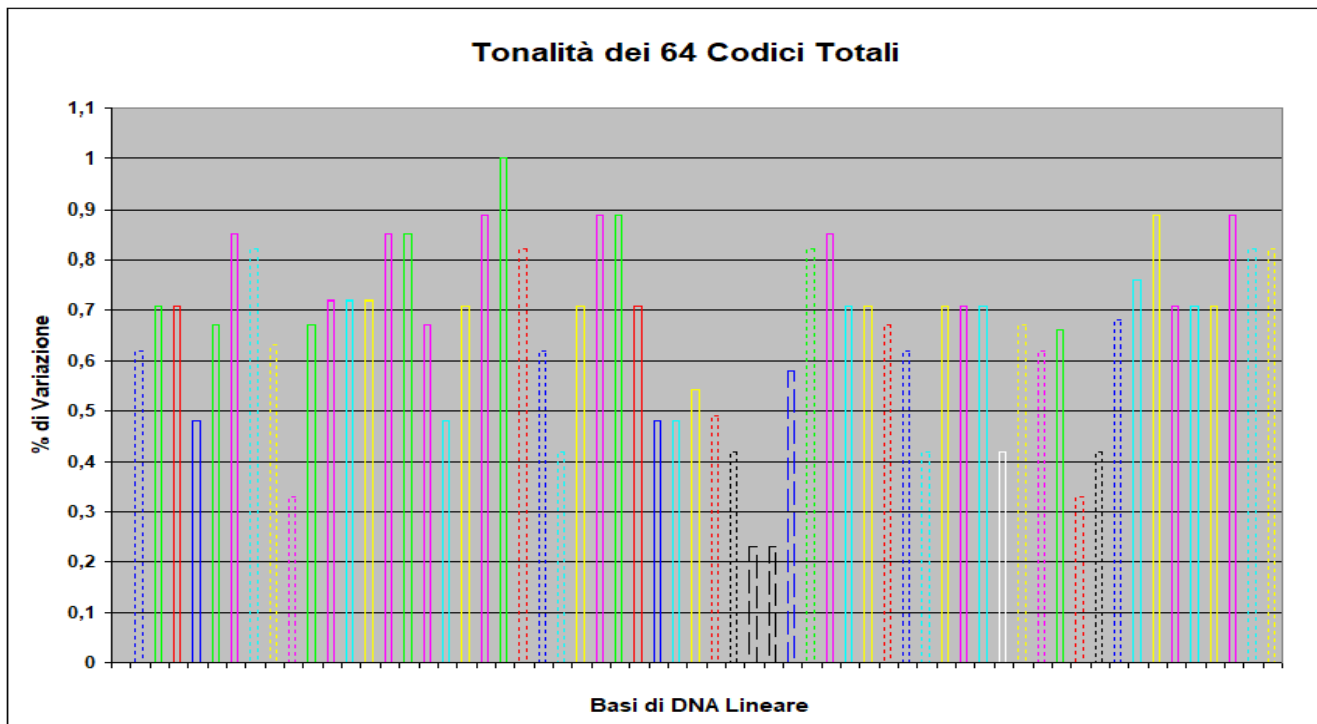
In Fig. 31 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 31 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 31 (A)**

Il grafico in Fig. 31 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.

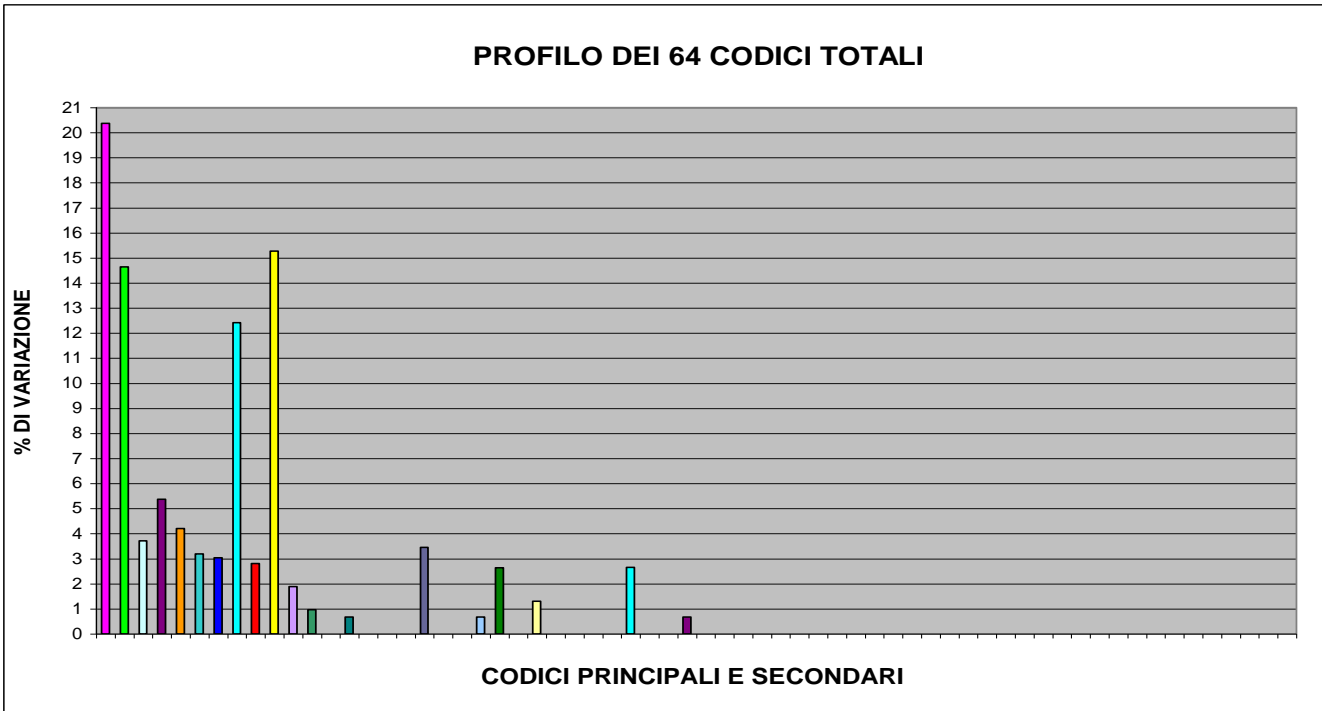


**Fig. 31 (B)**

In Fig. 31 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

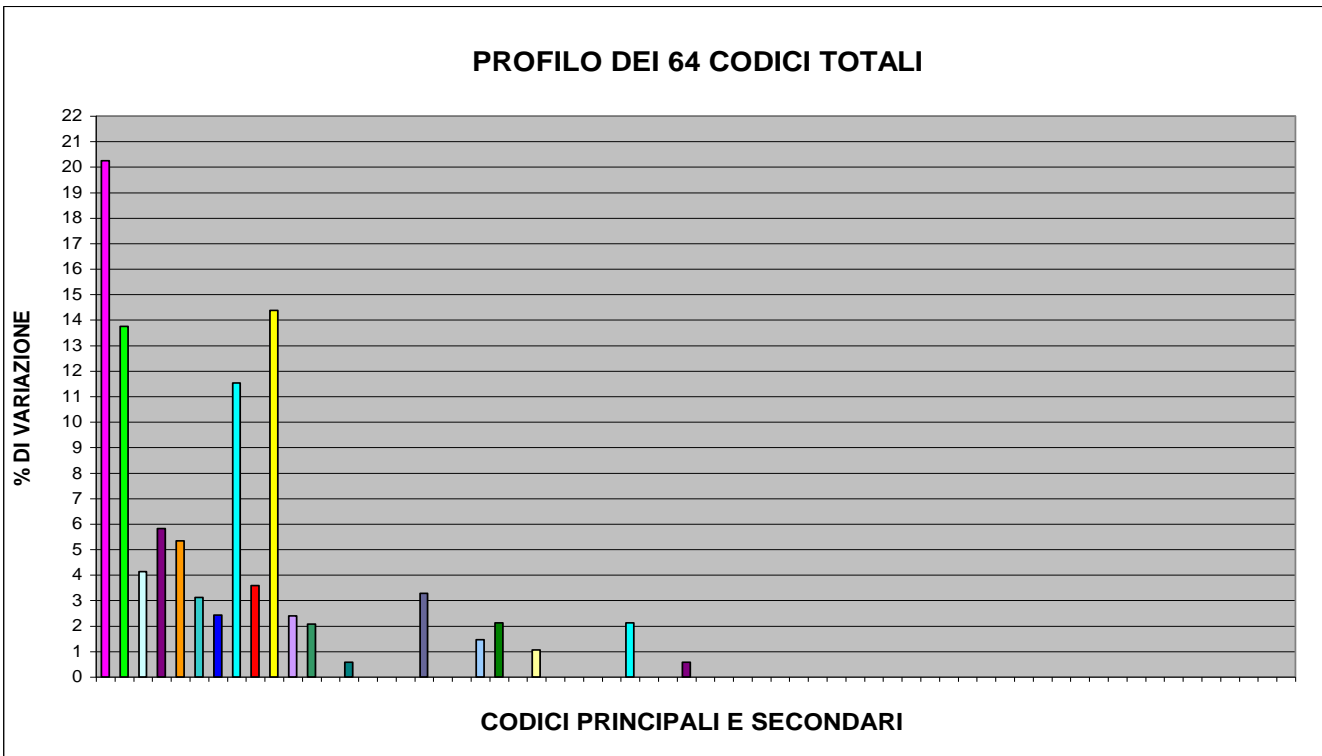


Il grafico in Fig. 32 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 32 (A)**

Il grafico in Fig. 32 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 32 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 8/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 8/1**, SOLTANTO **UNDICI BASI** (il **17,46%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.17 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 8/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 8/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 8/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 8/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 8/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 8/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 8/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 8/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 HG975449.1	<b>4/1</b> <a href="#">Solanum pennellii</a> chromosome ch10, complete genome	42.8	42.8	44%	0.74	93%	<a href="#">HG975449.1</a>
2 CP027081.1	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 13	41.9	41.9	39%	2.6	96%	<a href="#">CP027081.1</a>
3 KP211873.1	<b>3/1</b> Uncultured <a href="#">Candidatus</a> Thalassoarchaea euryarchaeote clone MedDCM-JUL2012-C2515 genomic sequence	41.9	41.9	39%	2.6	96%	<a href="#">KP211873.1</a>
4 FO905645.1	Leptosphaeria biglobosa brassicae b35_scaffold00019 complete sequence	41.9	41.9	47%	2.6	90%	<a href="#">FO905645.1</a>
5 KX822774.1	Xanthorrhoea preissii voucher K:20005062 chloroplast, complete genome	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">KX822774.1</a>
6 KX754270.1	Racinaea elegans isolate B51 RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; rpoB-trnC intergenic spacer, tRNA-Cys (trnC-GCA) gene, and trnC-petN intergenic spacer, complete sequence; and petN gene, partial sequence; plastid	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">KX754270.1</a>
7 KU053957.1	Coeloseira compressa plastid, complete genome	41.0	41.0	74%	2.6	79%	<a href="#">KU053957.1</a>
8 AL671889.6	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone RP23-390M19 on chromosome X, complete sequence	41.0	41.0	77%	2.6	80%	<a href="#">AL671889.6</a>
9 LR131994.1	Gouania willdenowi genome assembly, chromosome: 4	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">LR131994.1</a>
10 XM_026886865.1	<b>6/1</b> PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> GTP-binding protein 1 (LOC113504522), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	44%	9.5	93%	<a href="#">XM_026886865.1</a>
11 XM_026886864.1	<b>6/1</b> PREDICTED: <a href="#">Trichoplusia ni</a> GTP-binding protein 1 (LOC113504522), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	44%	9.5	93%	<a href="#">XM_026886864.1</a>
12 XM_023044051.1	PREDICTED: Onthophagus taurus polyprenol reductase (LOC111413171), mRNA	40.1	40.1	39%	9.5	96%	<a href="#">XM_023044051.1</a>
13 <a href="#">CP023759.1</a>	<b>4/1</b> <a href="#">Solanum lycopersicum cultivar I-3 chromosome 3</a>	40.1	40.1	53%	9.5	85%	<a href="#">CP023759.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
14 XM_022220161.1	PREDICTED: <b>Acanthochromis polyacanthus</b> uncharacterized LOC110969974 (LOC110969974), mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	96%	<a href="#">XM_022220161.1</a>
15 LN134849.1	<b>Spirometra erinaceieuropaei</b> genome assembly S_erinaceieuropaei, scaffold SPER_scaffold0124232	40.1	40.1	63%	9.5	88%	<a href="#">LN134849.1</a>
16 <b>HG975515.1</b>	<b>Solanum lycopersicum</b> chromosome ch03, complete genome	40.1	40.1	53%	9.5	85%	<a href="#">HG975515.1</a>
17 AC239600.3	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-633B17 from chromosome x, complete sequence	40.1	40.1	66%	9.5	84%	<a href="#">AC239600.3</a>
18 XM_631498.1	<b>Dictyostelium discoideum</b> AX4 IPT/TIG domain- containing protein (tgrM1) mRNA, complete cds	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">XM_631498.1</a>
19 AL049591.12	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP5-878I13 on chromosome Xq23-25 Contains an alpha tubulin pseudogene, complete sequence	40.1	40.1	66%	9.5	84%	<a href="#">AL049591.12</a>
20 LN483848.1	<i>Culicoides sonorensis</i> genome assembly, scaffold: scaffold498	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LN483848.1</a>
21 XR_001489186.1	PREDICTED: <b>Macaca</b> <b>fascicularis</b> uncharacterized LOC107129091 (LOC107129091), ncRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XR_001489186.1</a>
22 LK466226.1	<b>Dicrocoelium dendriticum</b> genome assembly D_dendriticum_Leon_v1_0_4, scaffold DDEL_scaffold0069925	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LK466226.1</a>
23 LK858215.1	<b>Dicrocoelium dendriticum</b> genome assembly D_dendriticum_Leon_v1_0_4, scaffold DDEL_contig0091947	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LK858215.1</a>
24 XR_491488.1	PREDICTED: <b>Chlorocebus</b> <b>sabaesus</b> uncharacterized LOC103218202 (LOC103218202), ncRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XR_491488.1</a>

**Sequences producing significant alignments:**

Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
25 AC109139.15	<b>Mus musculus</b> chromosome 8, clone RP23-47L13, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">AC109139.15</a>
26 AC113049.22	<b>Mus musculus</b> chromosome 8, clone RP23-248P8, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">AC113049.22</a>

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
2 Select seq <a href="#">CP027081.1</a>	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 13	Select seq <a href="#">XM_027532448.1</a> <b>3/1 4/1</b>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> x <b>Bos taurus</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_015461330.2</a> <b>3/1 4/1</b>	PREDICTED: <b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">CP027097.1</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b> chromosome 29
		Select seq <a href="#">XM_019954732.1</a> <b>3/1 4/1</b>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_019954731.1</a> <b>3/1 4/1</b>	PREDICTED: <b>Bos indicus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">M54979.2</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin precursor, mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_005903505.2</a> <b>3/1 4/1</b>	PREDICTED: <b>Bos mutus</b> insulin (LOC102274400), mRNA
		Select seq <a href="#">JX041514.1</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos taurus</b> proinsulin mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">NM_001185126.1</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_173926.2</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">EU518675.1</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin (INS) and insulin-like growth factor 2 (IGF2) genes, complete cds
		Select seq <a href="#">BC142034.1</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos taurus</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:159719 IMAGE:8631936), complete cds
		Select seq <a href="#">AC149665.2</a> <b>3/1 4/1</b>	<b>Bos taurus</b> BAC CH240-60O13 (Children's Hospital Oakland Research Institute Bovine BAC Library (male)) complete sequence

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 8/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
8 Select seq <a href="#">AL671889.6</a>	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone RP23-390M19 on chromosome X, complete sequence	Select seq <a href="#">X04725.1</a> <b>10/1 13/1 17/1</b>  Select seq <a href="#">X04725.1</a> <b>10/1 13/1 17/1</b>	<b>Mouse</b> preproinsulin gene I  <b>Mouse</b> preproinsulin gene II
14 Select seq XM_02220161.1	PREDICTED: <b>Acanthochromis polyacanthus</b> uncharacterized LOC110969974 (LOC110969974), mRNA	Select seq <a href="#">XM_02221651.1</a>  Select seq <a href="#">XM_022190895.1</a>  Select seq <a href="#">XM_022206846.1</a>	PREDICTED: <b>Acanthochromis polyacanthus</b> insulin (ins), mRNA  PREDICTED: <b>Acanthochromis polyacanthus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC110949057), mRNA  PREDICTED: <b>Acanthochromis polyacanthus</b> insulin-like (LOC110959849), mRNA
17 Select seq <a href="#">AL049591.12</a>	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-633B17 from chromosome x, complete sequence	Select seq <a href="#">AH002844.2</a> <b>2/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>  Select seq <a href="#">AH012037.2</a> <b>2/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>  Select seq <a href="#">NG_050578.1</a> <b>2/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>  Select seq <a href="#">KR710184.1</a> <b>2/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>  Select seq <a href="#">KR710183.1</a> <b>2/1 9/1 10/1 15/1 17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) gene, complete cds  <b>Homo sapiens</b> haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; insulin (INS) gene, complete cds; and insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, partial sequence  <b>Homo sapiens</b> INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11  Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010257 INS (INS) mRNA, encodes complete protein  Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010256 INS (INS) mRNA, encodes complete protein



Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">KR710182.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010255 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">KJ891480.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone ccsbBroadEn_00874 INS gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_001291897.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 4, mRNA
		Select seq <a href="#">JQ951950.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> preproinsulin (INS) mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">JF909299.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">AB587580.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct DNA, clone: pF1KB8864, <b>Homo sapiens</b> INS gene for insulin, without stop codon, in Flexi system
		Select seq <a href="#">NM_001185098.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185097.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">NG_007114.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11
		Select seq <a href="#">DQ778082.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> clone BFC06103 insulin mRNA, complete cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">DQ896283.2</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone IMAGE:100010743; FLH192918.01L; RZPDo839A1068D insulin (INS) gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_000207.2</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">BT007778.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">BT006808.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">BC005255.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:12292 IMAGE:3950204), complete cds
		Select seq <a href="#">AC132217.15</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-889I17, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC130303.8</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899304.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AJ009655.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> ins gene, partial
		Select seq <a href="#">X70508.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> mRNA for insulinoma pre-proinsulin

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">L15440.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complete cds; insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, 5' end
		Select seq <a href="#">KR710185.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010262 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">AF050524.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic <b>Homo sapiens</b> proinsulin-like protein BKRA gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC021233.9</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-215H22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AK024581.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> cDNA: FLJ20928 fis, clone ADSE01074
19			
Select seq <a href="#">AL049591.12</a>	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP5-878I13 on chromosome Xq23-25 Contains an alpha tubulin pseudogene, complete sequence	Select seq <a href="#">J02547.1</a> 17/1	<b>Human</b> (synthetic) insulin gene, complete cds
		Select seq <a href="#">M31026.1</a> 17/1	Synthetic <b>human</b> insulin B and mini-C chains using deactivated silica gel chromatography
		Select seq <a href="#">V00082.1</a> 17/1	Artificial gene for <b>human</b> proinsulin
		Select seq <a href="#">M12913.1</a> 7/1	Synthetic <b>human</b> proinsulin gene, complete cds
		Select seq <a href="#">LT733283.1</a> 17/1	<b>Human</b> ORFeome Gateway entry vector pENTR223-INS, complete sequence
		Select seq <a href="#">M10039.1</a> 17/1	<b>Human</b> alpha-type insulin gene and 5' flanking polymorphic region

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">V00565.1</a> 17/1	<b>Human</b> gene for preproinsulin, from chromosome 11. Includes a highly polymorphic region upstream from the insulin gene containing tandemly repeated sequences
		Select seq <a href="#">AB501190.1</a> 17/1	Synthetic construct hpi gene for <b>human</b> M-proinsulin, complete cds
		Select seq <a href="#">J02544.1</a> 17/1	<b>Human</b> insulin A chain gene (synthetic)
		Select seq <a href="#">AL354999.17</a> 17/1	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP11-531B22 on chromosome 13, complete sequence
		Select seq <a href="#">AL354896.16</a> 17/1	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP11-512M17 on chromosome 13, complete sequence
21	PREDICTED: <b>Macaca fascicularis</b> uncharacterized LOC107129091 (LOC107129091), ncRNA	Select seq <a href="#">XM_015434180.1</a> 2/1 3/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_015113354.1</a> 2/1 3/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721319.1</a> 2/1 3/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X4, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721318.1</a> 2/1 3/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721317.1</a> 2/1 3/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721316.1</a> 2/1 3/1 17/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001284919.1</a> 2/1 3/1 17/1	<b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), mRNA

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 8/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
24 Select seq <a href="#">XR_491488.1</a>	PREDICTED: <b>Chlorocebus sabaesus</b> uncharacterized LOC103218202 (LOC103218202), ncRNA	Select seq <a href="#">XM_008004634.1</a>  Select seq <a href="#">XM_008004561.1</a>	PREDICTED: <b>Chlorocebus sabaesus</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA  PREDICTED: <b>Chlorocebus sabaesus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
25 Select seq <a href="#">AC109139.15</a>	<b>Mus musculus</b> chromosome 8, clone RP23-47L13, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_021152514.1</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA
26 Select seq <a href="#">AC113049.22</a>	<b>Mus musculus</b> chromosome 8, clone RP23-248P8, complete sequence	Select seq <a href="#">DQ250565.1</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_021215010.1</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008386.4</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA
		Select seq <a href="#">BC145868.1</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ479923.1</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC163452.12</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23- 405C7, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC136710.8</a> <b>1/1 6/1 10/1</b> <b>13/1 17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23- 35B13, complete sequence

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AC140320.2</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence
		Select seq <a href="#">BC098468.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds
		Select seq <a href="#">AK148541.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007345.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">XM_021168754.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021168753.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185084.2</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185083.2</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008387.5</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">JN959239.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">JN951270.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">BC145554.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds
		Select seq <a href="#">BC099934.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds
		Select seq <a href="#">BC132650.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ250569.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AK007612.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007482.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">BC066208.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)
		Select seq <a href="#">AC012382.14</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899305.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 8/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 8/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AC013548.13</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AP003182.2</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences
		Select seq <a href="#">GQ915612.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">XM_021204833.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021204825.1</a> 1/1 6/1 10/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA



**Analisi della  
Sequenza n° 9/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.18 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 9/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 33 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 33 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

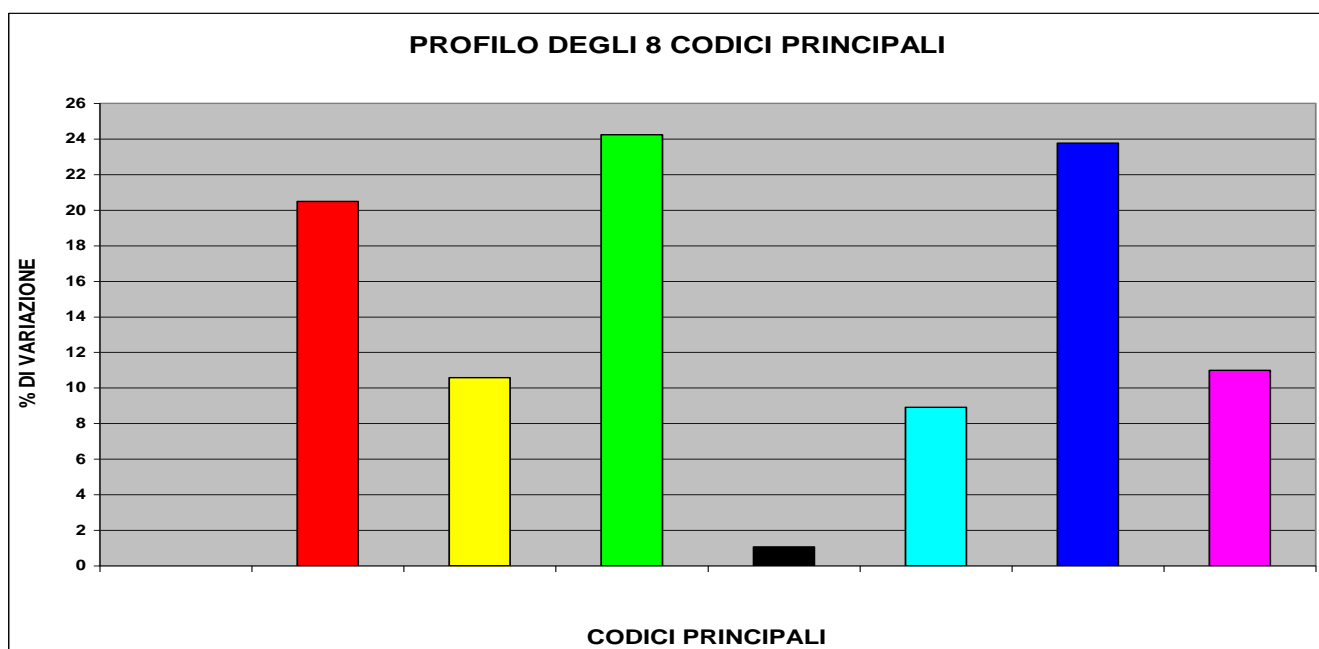


Fig. 33 (A)

Il grafico in Fig. 33 (B) si riferisce alla **nona "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 9/1**) da quella originaria.

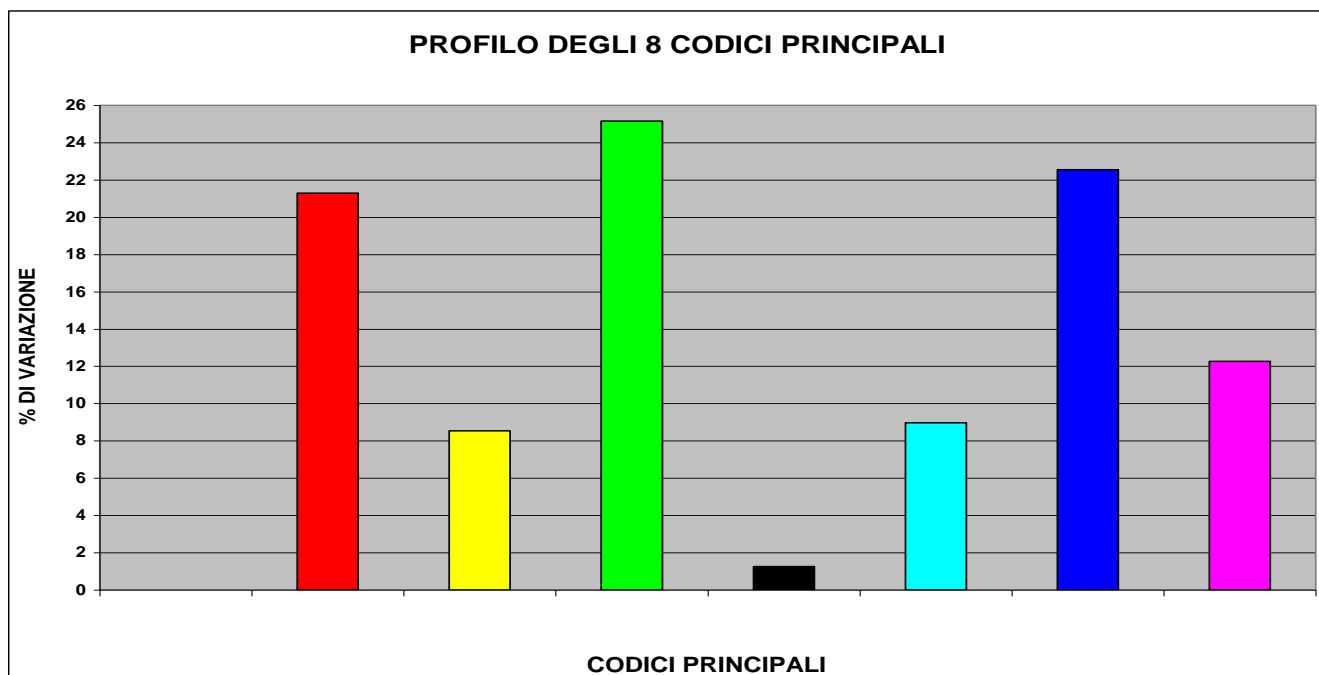
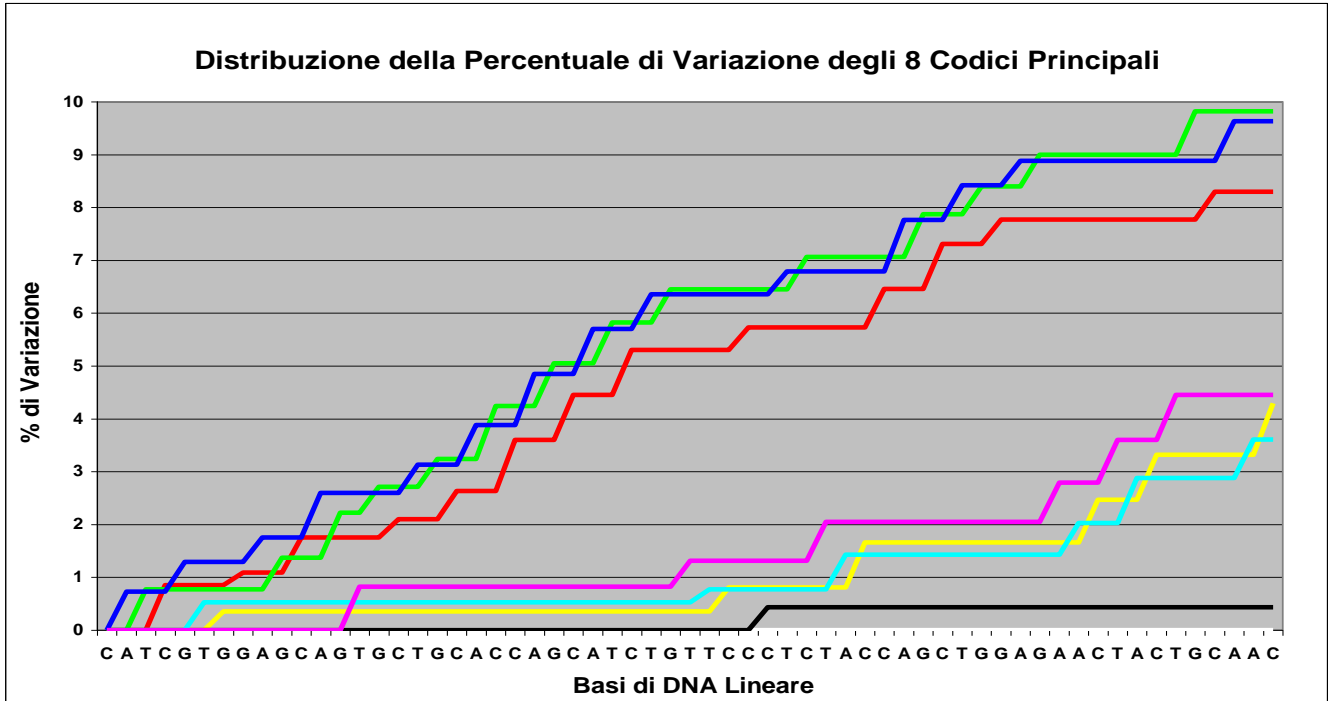


Fig. 33 (B)

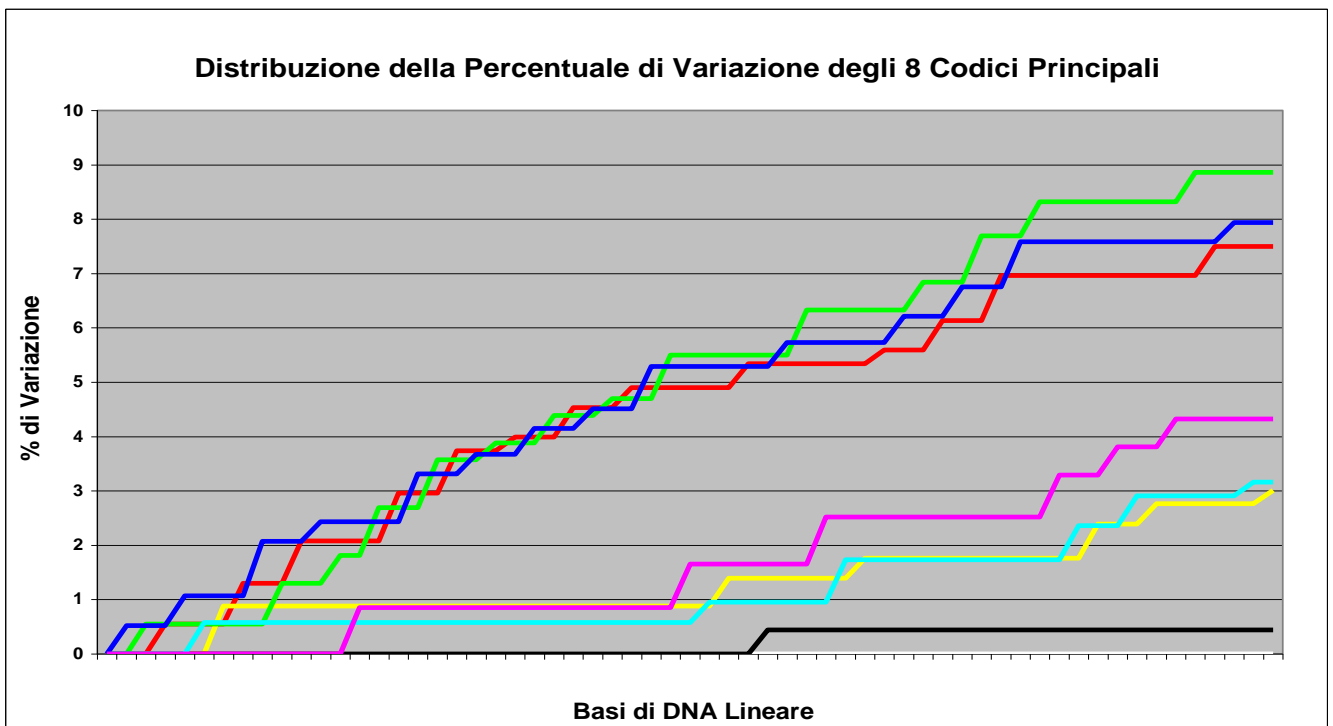
In Fig. 34 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 34 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 34 (A)**

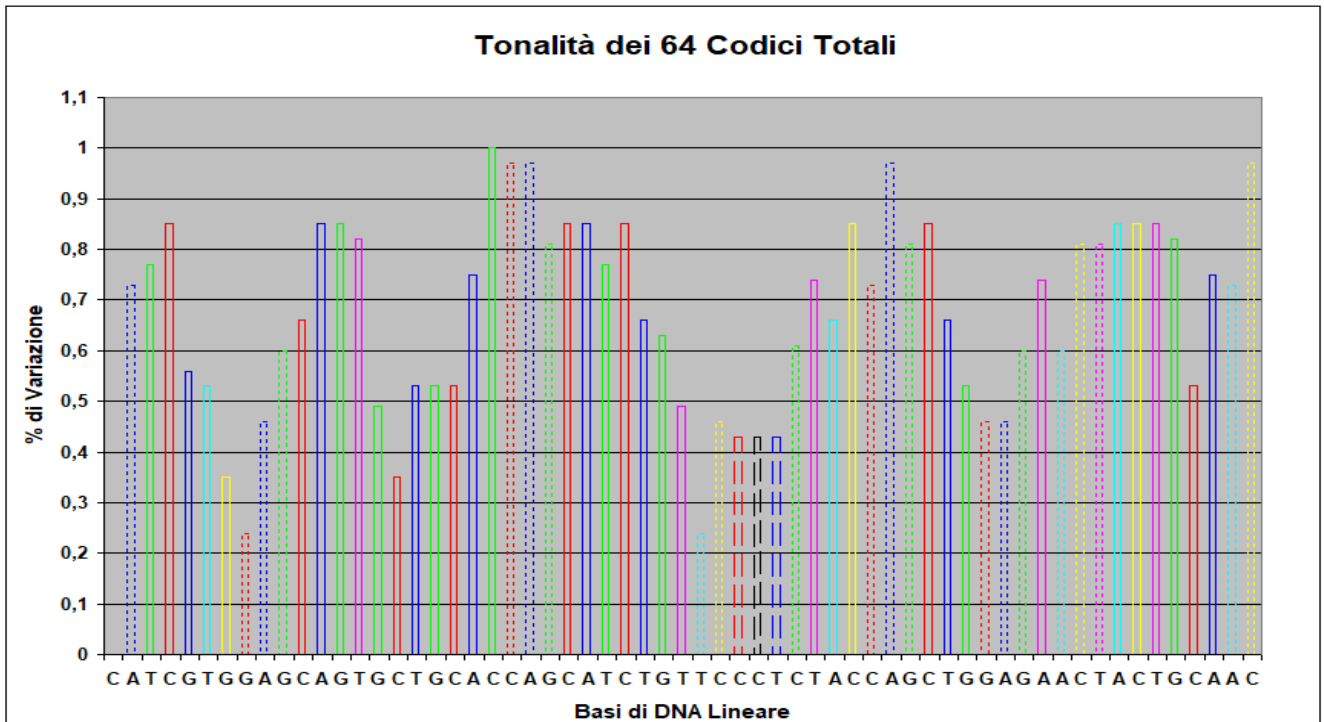
Il grafico in Fig. 34 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 34 (B)**

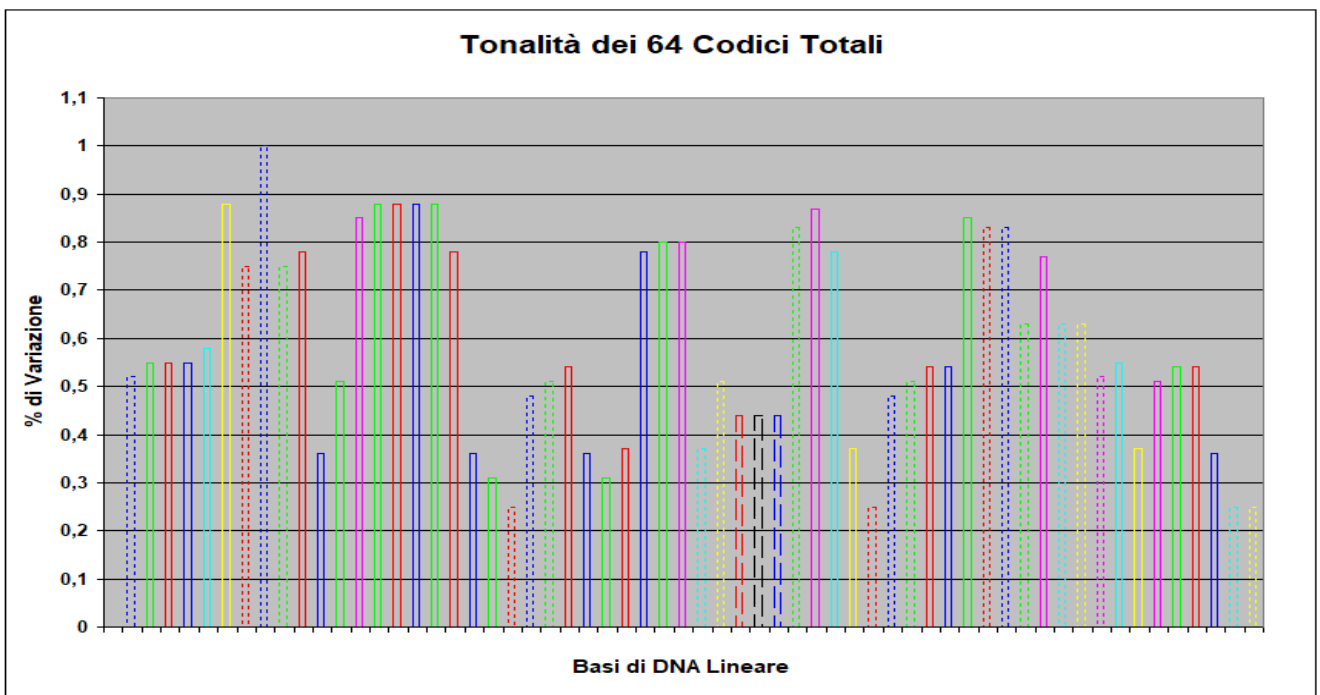
In Fig. 35 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 35 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 35 (A)**

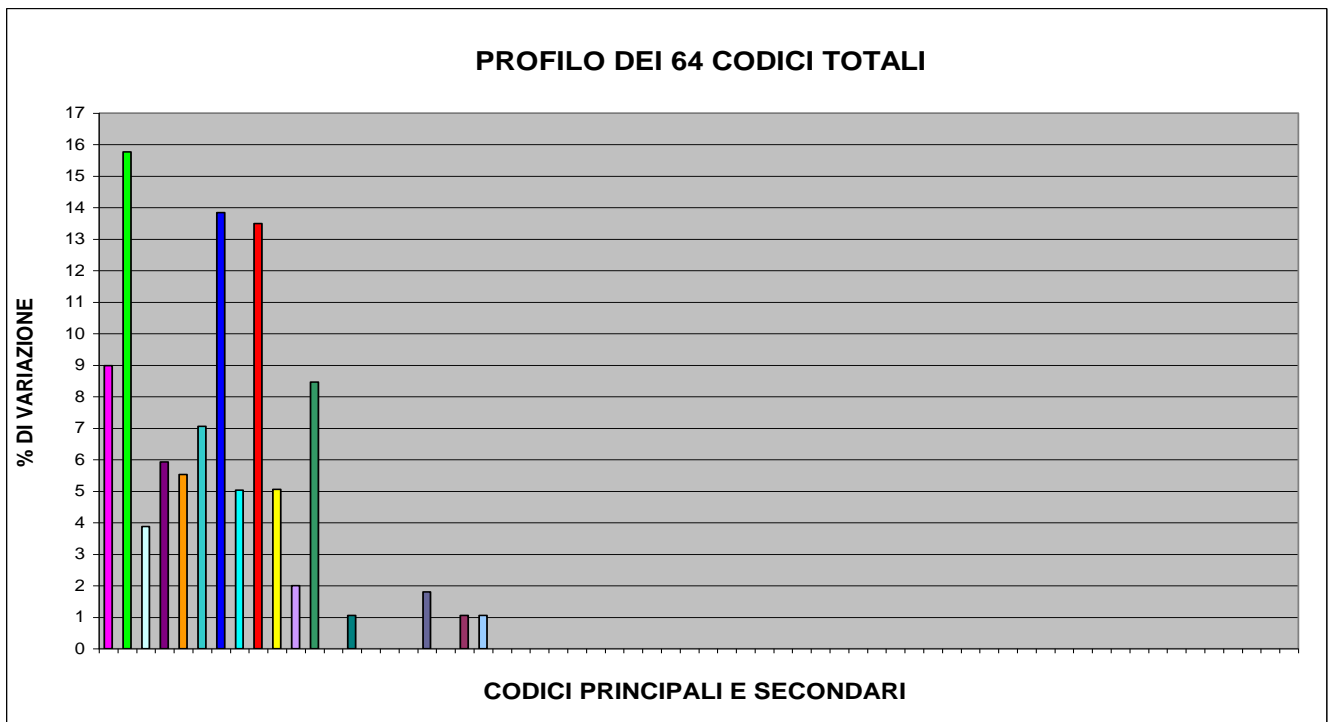
Il grafico in Fig. 35 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 35 (B)**

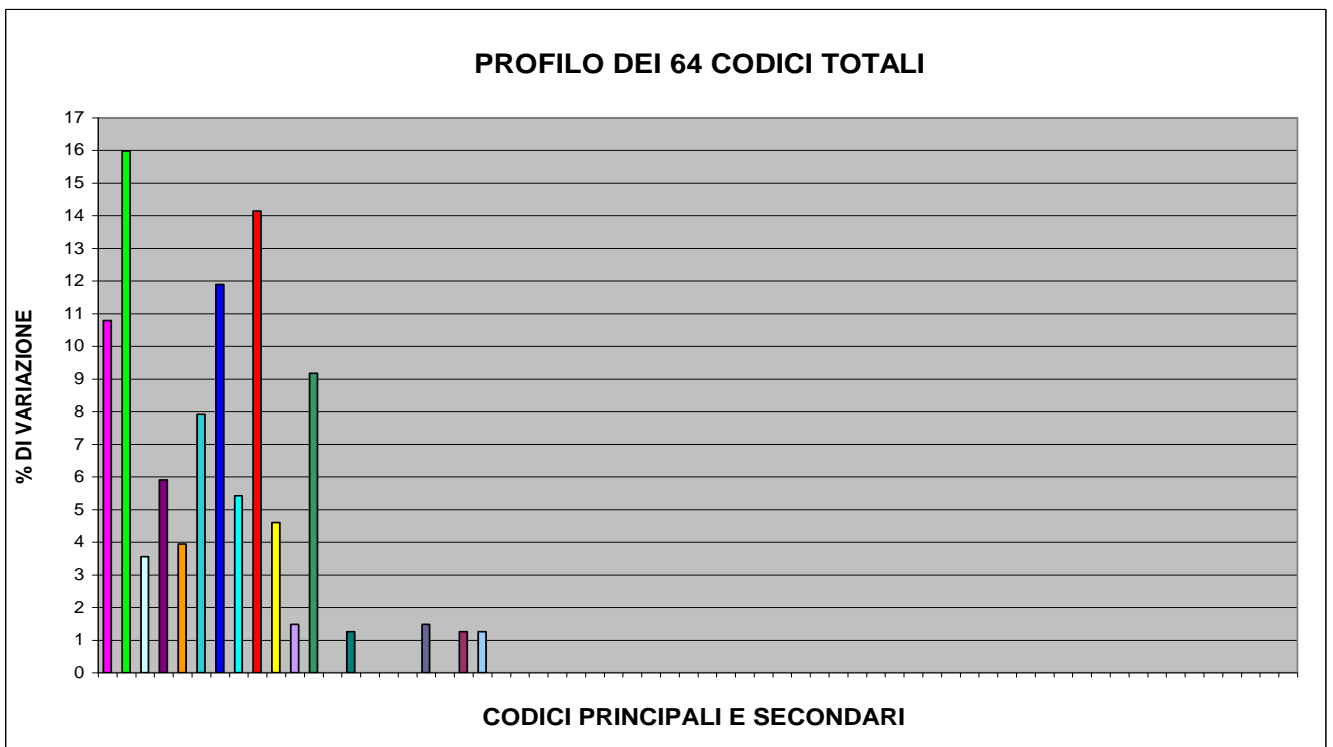
In Fig. 36 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 36 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 36 (A)**

Il grafico in Fig. 36 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 36 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 9/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 9/1**, SOLTANTO **UNDICI BASI** (il **17,46%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.19 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 9/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 9/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 9/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 9/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 9/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 9/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 9/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 9/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_024001609.1	PREDICTED: <b>Salvelinus alpinus</b> succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 1, mitochondrial-like (LOC111974083), mRNA	41.0	41.0	61%	2.7	83%	<a href="#">XM_024001609.1</a>
2 LT594789.1	<b>Theobroma cacao</b> genome assembly, chromosome: II	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">LT594789.1</a>
3 AC022535.6	<b>Homo sapiens</b> chromosome 10 clone RP11-34C15, complete sequence	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">AC022535.6</a>
4 XM_028542626.1	PREDICTED: <b>Dendronephthya gigantea</b> E3 ubiquitin-protein ligase HUWE1-like (LOC114522023), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028542626.1</a>
5 XM_028542625.1	PREDICTED: <b>Dendronephthya gigantea</b> E3 ubiquitin-protein ligase HUWE1-like (LOC114522023), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028542625.1</a>
6 XM_028542624.1	PREDICTED: <b>Dendronephthya gigantea</b> E3 ubiquitin-protein ligase HUWE1-like (LOC114522023), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.6	92%	<a href="#">XM_028542624.1</a>
7 XM_027757911.1	<b>Sparassis crispa</b> Ribose-phosphate pyrophosphokinase 2 (SCP_0411840), partial mRNA	39.2	39.2	50%	9.5	88%	<a href="#">XM_027757911.1</a>
8 <b>14/1</b> <a href="#">XM_026120534.1</a>	PREDICTED: <b>Dromaius novaehollandiae</b> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026120534.1</a>
9 <b>14/1</b> <a href="#">XM_026048985.1</a>	PREDICTED: <b>Nothoprocta perdicaria</b> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026048985.1</a>
10 XR_002223386.1	PREDICTED: <b>Microcebus murinus</b> uncharacterized LOC109730508 (LOC109730508), ncRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XR_002223386.1</a>
11 XM_020316910.1	PREDICTED: <b>Aegilops tauschii</b> subsp. <i>tauschii</i> sodium/hydrogen exchanger 8-like (LOC109758065), transcript variant X7, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_020316910.1</a>



Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
12 XM_020316908.1	PREDICTED: Aegilops tauschii subsp. tauschii sodium/hydrogen exchanger 8-like (LOC109758065), transcript variant X6, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_020316908.1</a>
13 XM_020316906.1	PREDICTED: Aegilops tauschii subsp. tauschii sodium/hydrogen exchanger 8-like (LOC109758065), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_020316906.1</a>
14 XM_020316905.1	PREDICTED: Aegilops tauschii subsp. tauschii sodium/hydrogen exchanger 8-like (LOC109758065), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_020316905.1</a>
15 XM_020316904.1	PREDICTED: Aegilops tauschii subsp. tauschii sodium/hydrogen exchanger 8-like (LOC109758065), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_020316904.1</a>
16 XM_020316903.1	PREDICTED: Aegilops tauschii subsp. tauschii sodium/hydrogen exchanger 8-like (LOC109758065), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_020316903.1</a>
17 XM_007290474.1	Marssonina brunnea f. sp. 'multigermtubi' MB_m1 putative ribose-phosphate pyrophosphokinase 1 (MBM_02647), mRNA	39.2	39.2	50%	9.5	88%	<a href="#">XM_007290474.1</a>
18 5/1 14/1 XM_003878010.1	Leishmania mexicana MHOM/GT/2001/U1103 conserved hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_003878010.1</a>
19 14/1 CP002903.1	Spirochaeta thermophila DSM 6578, complete genome	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">CP002903.1</a>
20 5/1 14/1 FR799584.1	Leishmania mexicana MHOM/GT/2001/U1103 complete genome, chromosome 31	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">FR799584.1</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 9/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 9/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
1 Select seq <a href="#">XM_024001609.1</a>	PREDICTED: <b>Salvelinus alpinus</b> succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 1, mitochondrial-like (LOC111974083), mRNA	Select seq <a href="#">XM_023968633.1</a>	PREDICTED: <b>Salvelinus alpinus</b> insulin (LOC111950763), mRNA
2 Select seq <a href="#">LT594789.1</a>	<b>Theobroma cacao</b> genome assembly, chromosome: II	Select seq <a href="#">LT594792.1</a> <b>17/1</b>	<b>Theobroma cacao</b> genome assembly, chromosome: V
3 Select seq <a href="#">AC022535.6</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 10 clone RP11-34C15, complete sequence	Select seq <a href="#">AH002844.2</a> <b>2/1 8/1 10/1 15/1</b> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">AH012037.2</a> <b>2/1 8/1 10/1 15/1</b> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">NG_050578.1</a> <b>2/1 8/1 10/1 15/1</b> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">KR710184.1</a> <b>2/1 8/1 10/1 15/1</b> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">KR710183.1</a> <b>2/1 8/1 10/1 15/1</b> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">KR710182.1</a> <b>2/1 8/1 10/1 15/1</b> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">KJ891480.1</a> <b>2/1 8/1 10/1 15/1</b> <b>17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) gene, complete cds  <b>Homo sapiens</b> haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; insulin (INS) gene, complete cds; and insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, partial sequence  <b>Homo sapiens</b> INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11  Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010257 INS (INS) mRNA, encodes complete protein  Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010256 INS (INS) mRNA, encodes complete protein  Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010255 INS (INS) mRNA, encodes complete protein  Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone ccsbBroadEn_00874 INS gene, encodes complete protein

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 9/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 9/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">NM_001291897.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 4, mRNA
		Select seq <a href="#">JQ951950.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> preproinsulin (INS) mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">JF909299.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">AB587580.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct DNA, clone: pF1KB8864, <b>Homo sapiens</b> INS gene for insulin, without stop codon, in Flexi system
		Select seq <a href="#">NM_001185098.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185097.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">NG_007114.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11
		Select seq <a href="#">DQ778082.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> clone BFC06103 insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">DQ896283.2</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone IMAGE:100010743; FLH192918.01L; RZPDo839A1068D insulin (INS) gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_000207.2</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 9/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 9/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BT007778.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">BT006808.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">BC005255.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:12292 IMAGE:3950204), complete cds
		Select seq <a href="#">AC132217.15</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-889117, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC130303.8</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899304.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AJ009655.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> ins gene, partial
		Select seq <a href="#">X70508.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> mRNA for insulinoma pre-proinsulin
		Select seq <a href="#">L15440.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complete cds; insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, 5' end
		Select seq <a href="#">KR710185.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010262 INS (INS) mRNA, encodes complete protein

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 9/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 9/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AF050524.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic <b>Homo sapiens</b> proinsulin-like protein BKRA gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC021233.9</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-215H22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AK024581.1</a> 2/1 8/1 10/1 15/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> cDNA: FLJ20928 fis, clone ADSE01074
8 Select seq <a href="#">XM_026120534.1</a> 14/1	PREDICTED: <b>Dromaius novaehollandiae</b> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	Select seq <a href="#">XM_026092712.1</a> 14/1	PREDICTED: <b>Dromaius novaehollandiae</b> insulin (INS), mRNA
9 Select seq <a href="#">XM_026048985.1</a> 14/1	PREDICTED: <b>Nothoprocta perdicaria</b> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	Select seq <a href="#">XM_026036815.1</a> 14/1	PREDICTED: <b>Nothoprocta perdicaria</b> insulin (INS), mRNA
10 Select seq <a href="#">XR_002223386.1</a>	PREDICTED: <b>Microcebus murinus</b> uncharacterized LOC109730508 (LOC109730508), ncRNA	Select seq <a href="#">XM_012743999.1</a>	PREDICTED: <b>Microcebus murinus</b> insulin (INS), mRNA

**Analisi della  
Sequenza n° 10/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1. 20 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 10/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 37 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 37 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

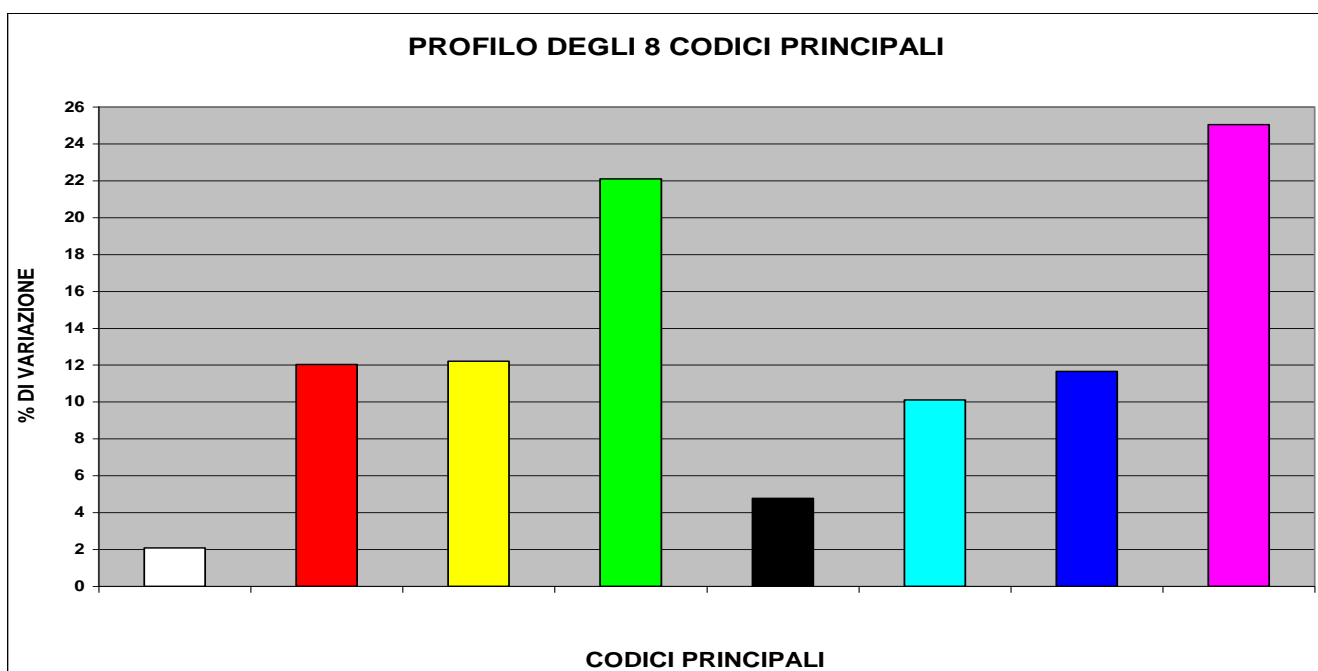


Fig. 37 (A)

Il grafico in Fig. 37 (B) si riferisce alla **decima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 10/1**) da quella originaria.

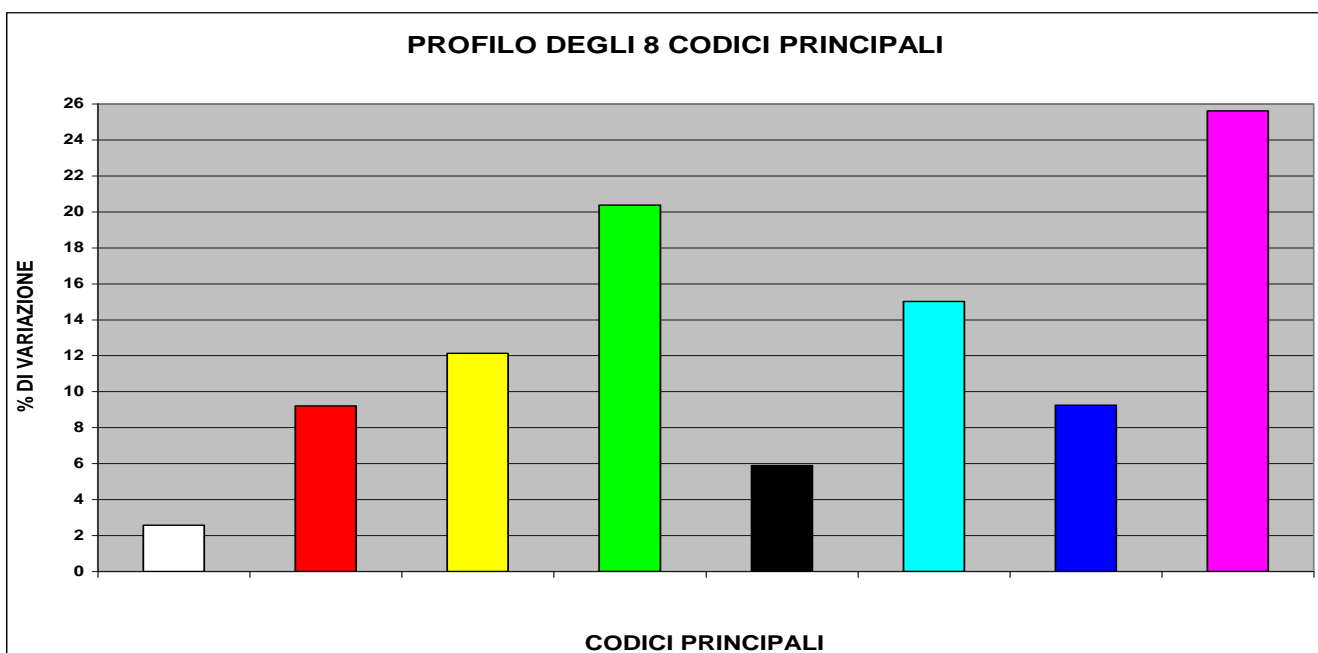
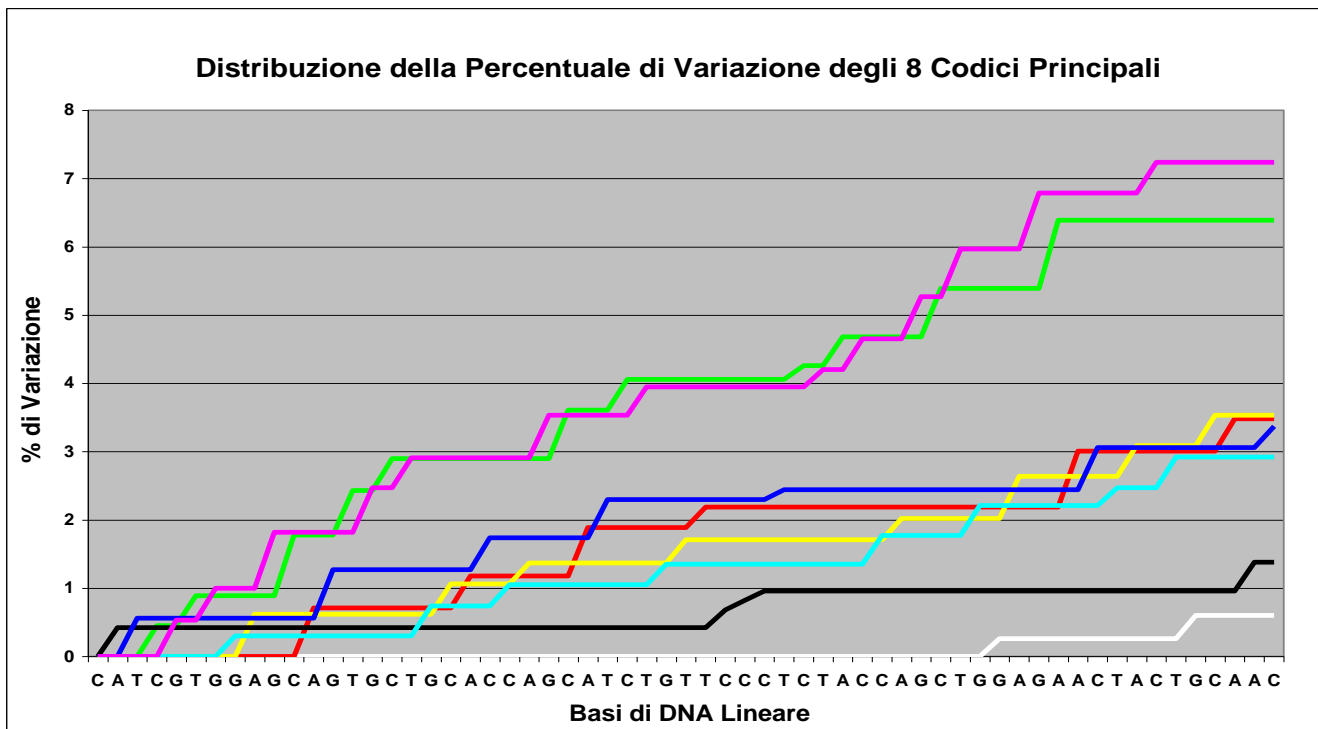


Fig. 37 (B)

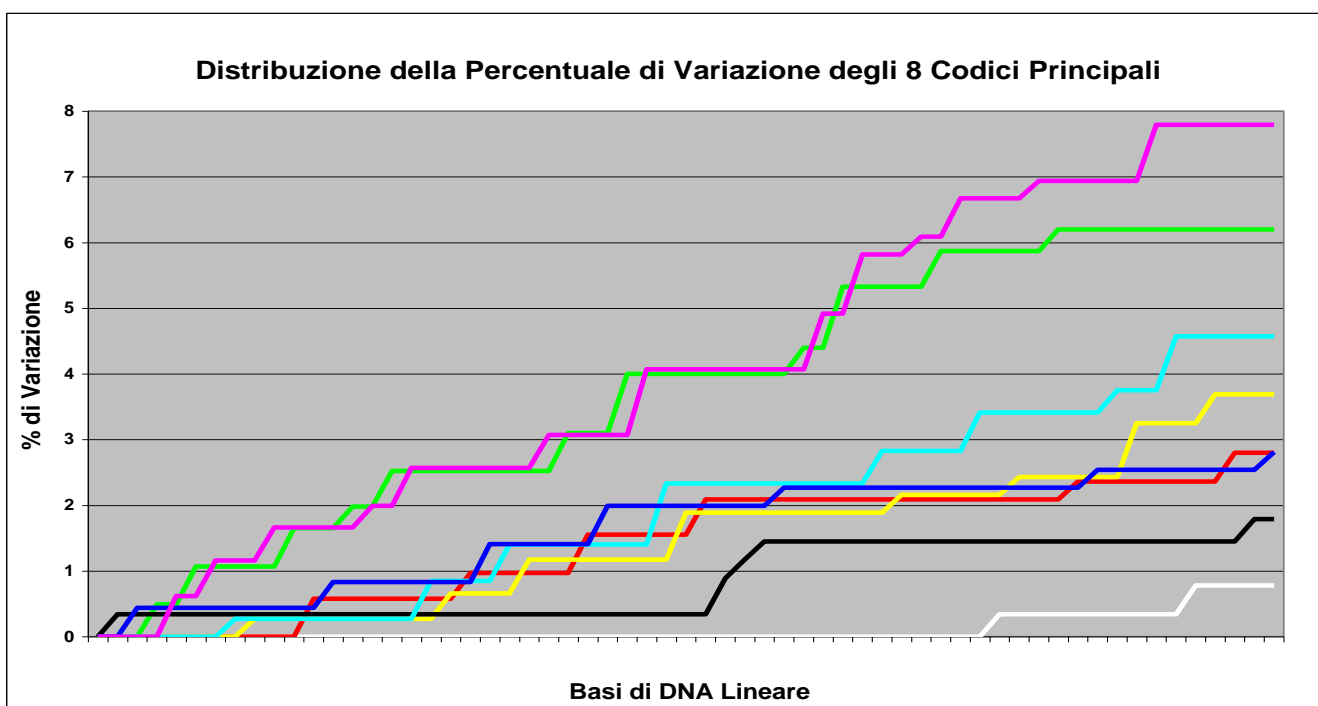
In Fig. 38 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 38 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 38 (A)**

Il grafico in Fig. 38 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.

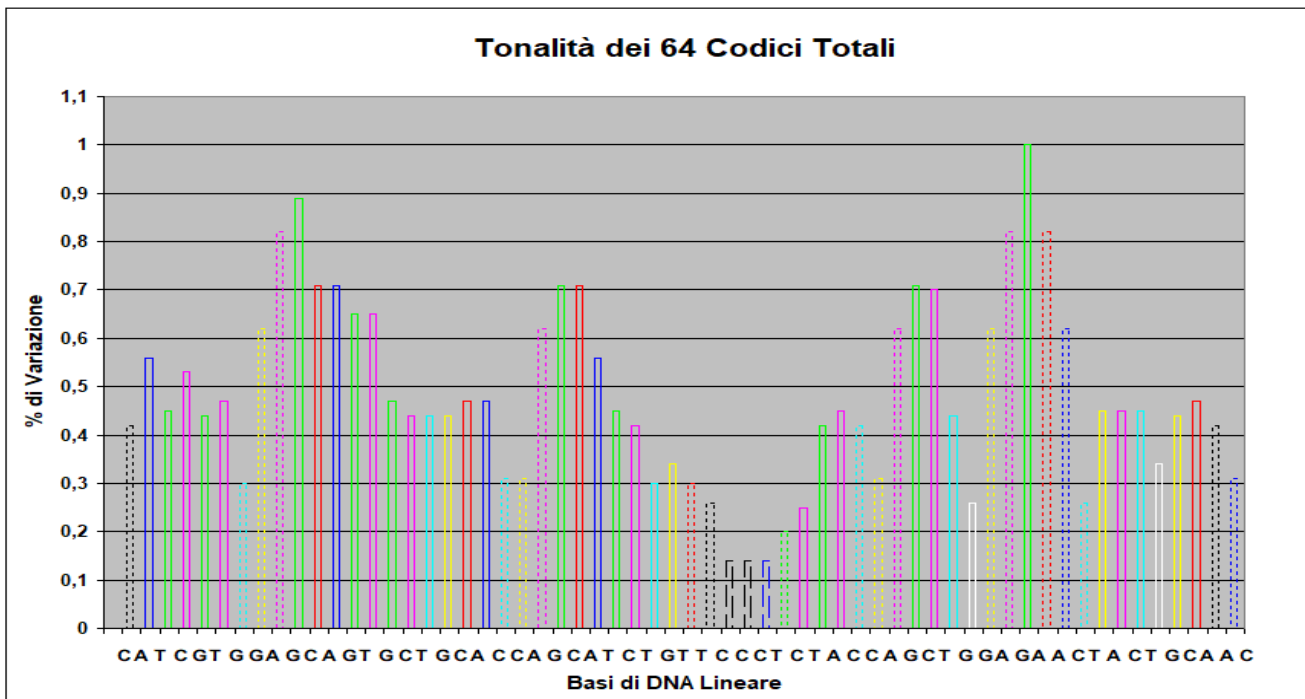


**Fig. 38 (B)**



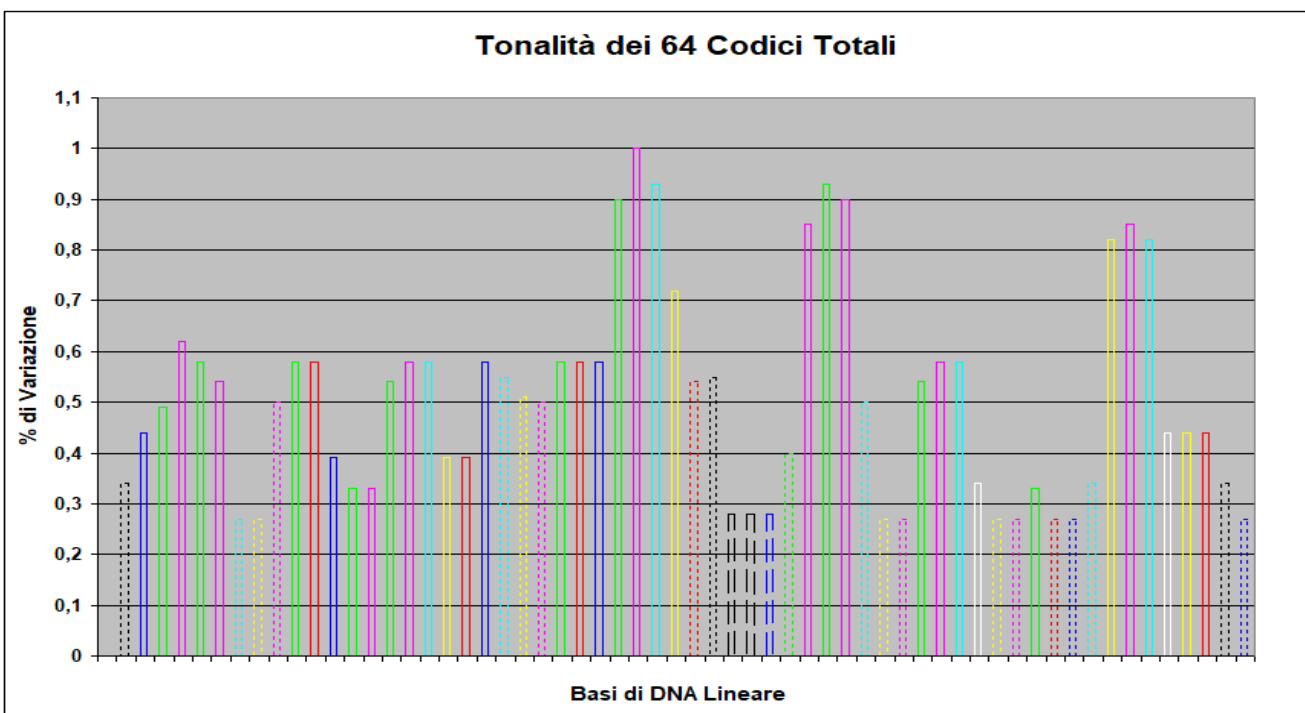
In Fig. 39 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 39 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



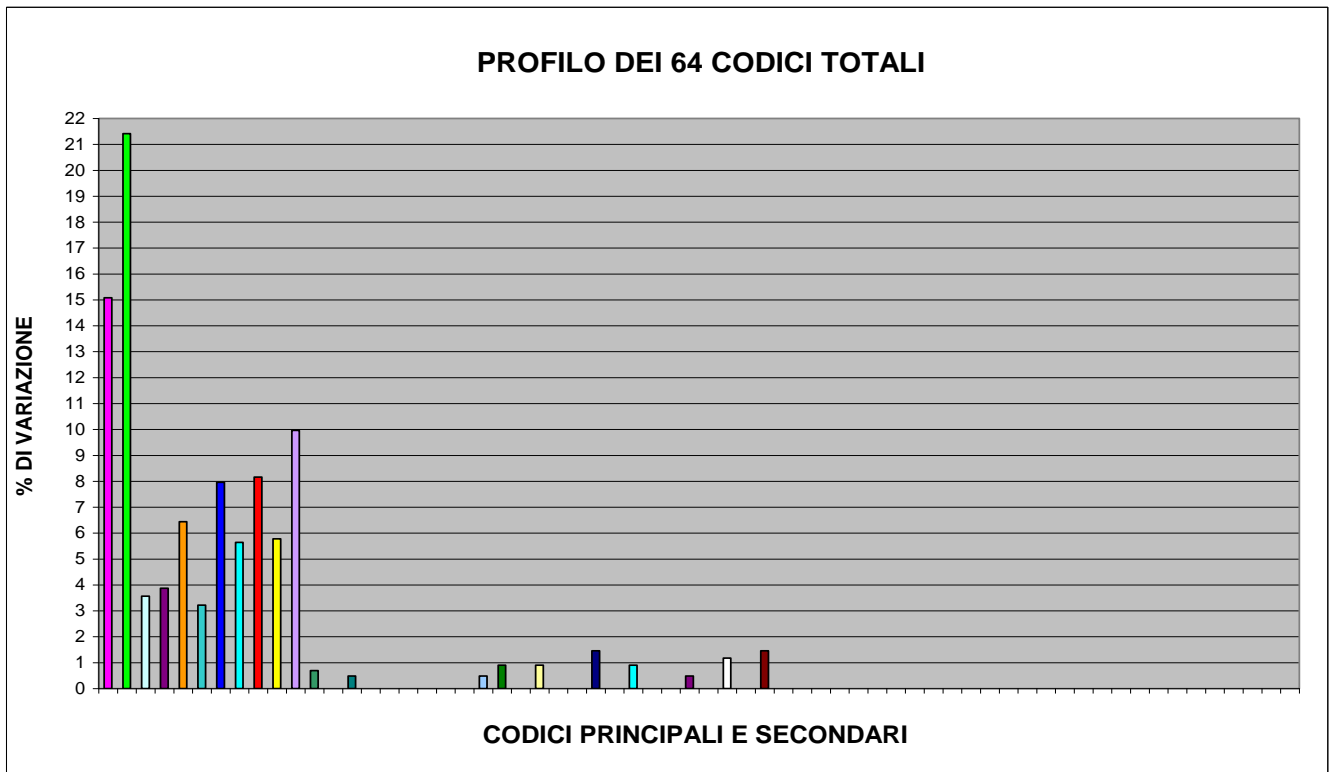
**Fig. 39 (A)**

Il grafico in Fig. 39 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



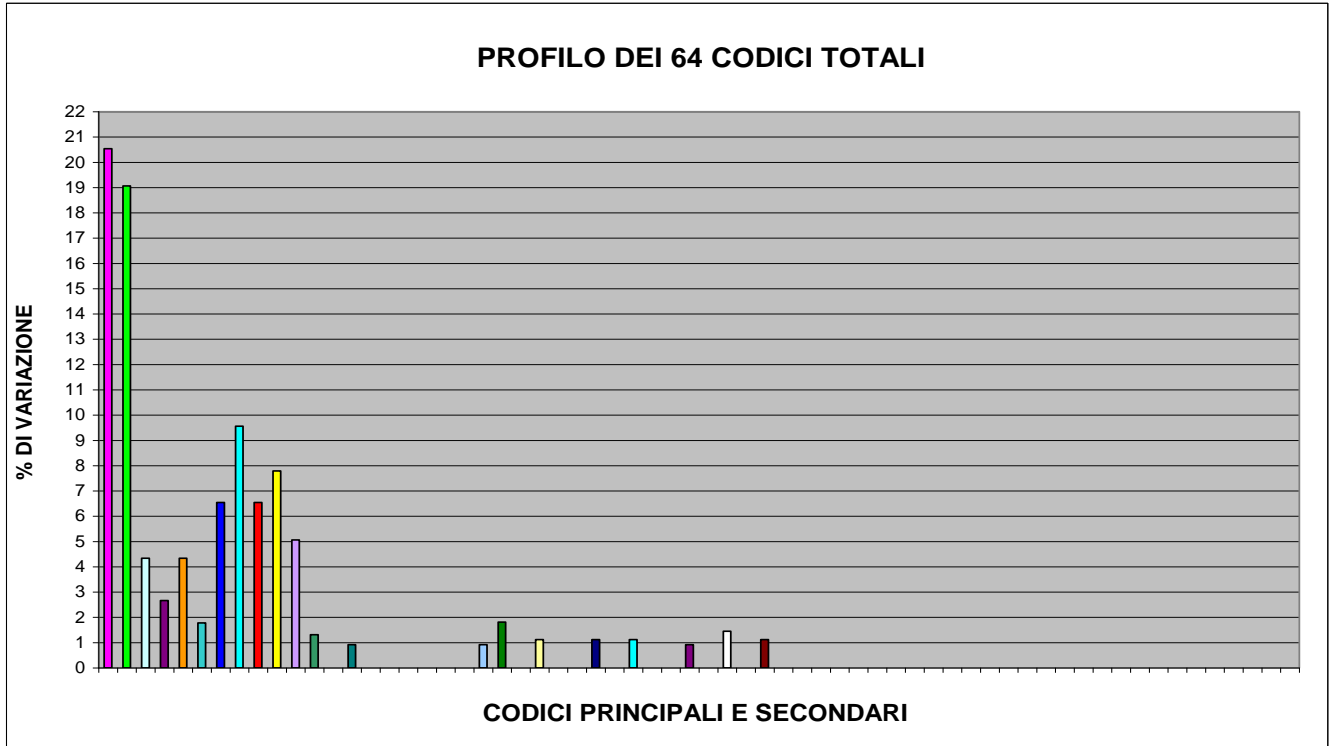
**Fig. 39 (B)**

In Fig. 40 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 40 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 40 (A)**

Il grafico in Fig. 40 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 40 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 10/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 10/1**, SOLTANTO **DODICI BASI** (il **19,05%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.21 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 10/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 10/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 10/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 10/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 10/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 10/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 10/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 10/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 AH011549.2	<b>Mus musculus</b> chromosome 16 thioredoxin reductase (Trxr2) gene, complete cds	41.0	41.0	68%	2.6	82%	<a href="#">AH011549.2</a>
2 AC003067.59	<b>Mus musculus</b> Chromosome 16 BAC Clone tbx3 Syntenic To <b>Homo sapiens</b> 22q11.2 DGCR Region, complete sequence	41.0	41.0	68%	2.6	82%	<a href="#">AC003067.59</a>
3 AC133488.30	<b>Mus musculus</b> strain C57BL/6J clone rp23-432e14, complete sequence	41.0	41.0	68%	2.6	82%	<a href="#">AC133488.30</a>
4 AC003066.18	<b>Mus musculus</b> Chromosome 16 BAC Clone tbx1 Syntenic To <b>Homo sapiens</b> 22q11.2 DGCR Region, complete sequence	41.0	41.0	68%	2.6	82%	<a href="#">AC003066.18</a>
5 AC133487.14	<b>Mus musculus</b> strain C57BL/6J clone rp23-285e22, complete sequence	41.0	41.0	68%	2.6	82%	<a href="#">AC133487.14</a>
6 LR132010.1	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 7	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">LR132010.1</a>
7 LN649230.1	<b>Fusarium</b> venenatum strain A3/5 genome assembly, chromosome: II	40.1	40.1	60%	9.5	88%	<a href="#">LN649230.1</a>
8 XM_014081268.1	Ogataea parapolyomorpha DL-1 hypothetical protein partial mRNA	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">XM_014081268.1</a>
9 JN958484.1	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Usp22:tm1a(KOMP)Wtsi; transgenic	40.1	40.1	41%	9.5	96%	<a href="#">JN958484.1</a>
10 JN950499.1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Usp22:tm1e(KOMP)Wtsi; transgenic	40.1	40.1	41%	9.5	96%	<a href="#">JN950499.1</a>
11 AL646093.9	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone RP23-55I2 on chromosome 11, complete sequence	40.1	40.1	41%	9.5	96%	<a href="#">AL646093.9</a>
12 AC025910.19	<b>Mus musculus</b> 11 BAC RP23-40J4 (Roswell Park Cancer Institute Mouse BAC) complete sequence	40.1	40.1	41%	9.5	96%	<a href="#">AC025910.19</a>
13 CP038190.1	Caenorhabditis elegans strain CB4856 chromosome IV	39.2	39.2	41%	9.6	92.31%	<a href="#">CP038190.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
14 CP026245.1	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 3	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP026245.1</a>
15 XM_024644634.1	<b>Strongyloides</b> ratti Neuroglial (SRAE_X000030500), partial mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_024644634.1</a>
16 XM_024403100.1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus</b> <b>shawytscha</b> vimentin-like (LOC112234799), mRNA	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">XM_024403100.1</a>
17 XM_022753695.1	PREDICTED: <b>Seriola dumerili</b> BCL2 like 12 (bcl2l12), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_022753695.1</a>
18 XM_021574948.1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus</b> <b>mykiss</b> neurofilament light polypeptide-like (LOC110498314), mRNA	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">XM_021574948.1</a>
19 XM_020476863.1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus</b> <b>kisutch</b> neurofilament light polypeptide-like (LOC109884981), mRNA	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">XM_020476863.1</a>
20 <a href="#">XR_001013343.1</a>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> pepsin A-like (LOC105581134), misc_RNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XR_001013343.1</a>
21 XM_011302441.1	PREDICTED: Fopius arisanus nuclear RNA export factor 1- like (LOC105265120), mRNA	39.2	39.2	53%	9.5	89%	<a href="#">XM_011302441.1</a>
22 LK928621.1	Caenorhabditis elegans genome assembly C_elegans_Bristol_N2_v1_5_4, scaffold CELN2_contig0000311	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LK928621.1</a>
23 LN609530.1	<b>Strongyloides</b> ratti genome assembly S_ratti_ED321, chromosome : X	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">LN609530.1</a>
24 XM_005841697.1	Guillardia theta CCMP2712 hypothetical protein (GUITHDRAFT_63031) mRNA, partial cds	39.2	39.2	44%	9.5	93%	<a href="#">XM_005841697.1</a>
25 Z70284.3	Caenorhabditis elegans Cosmid K07F5, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">Z70284.3</a>
26 CT978603.1	Synechococcus sp. RCC307 genomic DNA sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CT978603.1</a>
27 BT000771.1	<b>Arabidopsis thaliana</b> clone RAFL08-14-H03 (R11349) putative long-chain acyl-CoA synthetase (At3g16170) mRNA, complete cds	39.2	39.2	65%	9.5	80%	<a href="#">BT000771.1</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 10/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 10/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
1 Select seq <a href="#">AH011549.2</a>	<b>Mus musculus</b> chromosome 16 thioredoxin reductase (Trxr2) gene, complete cds	Select seq <a href="#">XM_021152514.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA
2 Select seq <a href="#">AC003067.59</a>	<b>Mus musculus</b> Chromosome 16 BAC Clone tbx3 Syntenic To <b>Homo sapiens</b> 22q11.2 DGCR Region, complete sequence	Select seq <a href="#">DQ250565.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
3 Select seq <a href="#">AC133488.30</a>	<b>Mus musculus</b> strain C57BL/6J clone rp23- 432e14, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_021215010.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA
4 Select seq <a href="#">AC003066.18</a>	<b>Mus musculus</b> Chromosome 16 BAC Clone tbx1 Syntenic To <b>Homo sapiens</b> 22q11.2 DGCR Region, complete sequence	Select seq <a href="#">NM_008386.4</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA
5 Select seq <a href="#">AC133487.14</a>	<b>Mus musculus</b> strain C57BL/6J clone rp23- 285e22, complete sequence	Select seq <a href="#">BC145868.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds
9 Select seq <a href="#">JN958484.1</a>	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Usp22:tm1a(KOMP)Wt si; transgenic	Select seq <a href="#">DQ479923.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds
10 Select seq <a href="#">JN950499.1</a>	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ- tagged mutant allele Usp22:tm1e(KOMP)Wt si; transgenic	Select seq <a href="#">AC163452.12</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23- 405C7, complete sequence
12 Select seq <a href="#">AC025910.19</a>	<b>Mus musculus</b> 11 BAC RP23-40J4 (Roswell Park Cancer Institute Mouse BAC) complete sequence	Select seq <a href="#">AC136710.8</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23- 35B13, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC140320.2</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 10/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 10/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BC098468.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds
		Select seq <a href="#">AK148541.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007345.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">XM_021168754.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021168753.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185084.2</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185083.2</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008387.5</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">JN959239.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">JN951270.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic



Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 10/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 10/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BC145554.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds
		Select seq <a href="#">BC099934.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds
		Select seq <a href="#">BC132650.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ250569.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AK007612.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007482.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">BC066208.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)
		Select seq <a href="#">AC012382.14</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899305.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AC013548.13</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 10/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 10/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AP003182.2</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences
		Select seq <a href="#">GQ915612.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">XM_021204833.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021204825.1</a> 1/1 6/1 8/1 13/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA
6	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 7	Select seq <a href="#">LR132016.1</a> 4/1 17/1	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">LR132007.1</a> 4/1 17/1	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 10
11	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone RP23-55I2 on chromosome 11, complete sequence	Select seq <a href="#">X04725.1</a> 8/1 13/1 17/1	<b>Mouse</b> preproinsulin gene I
		Select seq <a href="#">X04725.1</a> 8/1 13/1 17/1	<b>Mouse</b> preproinsulin gene II
14	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 3	Select seq <a href="#">CP026246.1</a> 13/1 17/1	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 4
		Select seq <a href="#">CP026255.1</a> 13/1 17/1	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 13
16	PREDICTED: <b>Oncorhynchus tshawytscha</b> vimentin-like (LOC112234799), mRNA	Select seq <a href="#">XM_024402922.1</a> 6/1 17/1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus tshawytscha</b> insulin-like (LOC112234674), mRNA

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 10/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 10/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
18 Select seq <a href="#">XM_021574948.1</a>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus mykiss</b> neurofilament light polypeptide-like (LOC110498314), mRNA	Select seq <a href="#">XM_024402921.1</a> <b>6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus tshawytscha</b> insulin-like (LOC112234673), mRNA
19 Select seq <a href="#">XM_020476863.1</a>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus kisutch</b> neurofilament light polypeptide-like (LOC109884981), mRNA	Select seq <a href="#">XM_020464884.1</a> <b>6/1 17/1</b>	PREDICTED: <b>Oncorhynchus kisutch</b> insulin-like (LOC109873252), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001124670.1</a> <b>6/1 17/1</b>	<b>Oncorhynchus mykiss</b> preproinsulin 2 (LOC100136703), mRNA
		Select seq <a href="#">L11712.1</a> <b>6/1 17/1</b>	<b>Oncorhynchus</b> keta insulin gene, complete cds
17 Select seq <a href="#">XM_022753695.1</a>	PREDICTED: <b>Seriola dumerili</b> BCL2 like 12 (bc12112), mRNA	Select seq <a href="#">XM_022744743.1</a>	PREDICTED: <b>Seriola dumerili</b> insulin (ins), mRNA
		Select seq <a href="#">AB262771.1</a>	<b>Seriola dumerili</b> mRNA for insulin, complete cds, subtype 2
		Select seq <a href="#">XM_022751952.1</a>	PREDICTED: <b>Seriola dumerili</b> insulin-like (LOC111226678), mRNA
20 Select seq <a href="#">XR_001013343.1</a> <b>12/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> pepsin A-like (LOC105581134), misc_RNA	Select seq <a href="#">XM_012041172.1</a> <b>12/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_012041171.1</a> <b>12/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_012041169.1</a> <b>12/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA

**Analisi della  
Sequenza n° 11/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.22 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 11/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 41 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 41 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

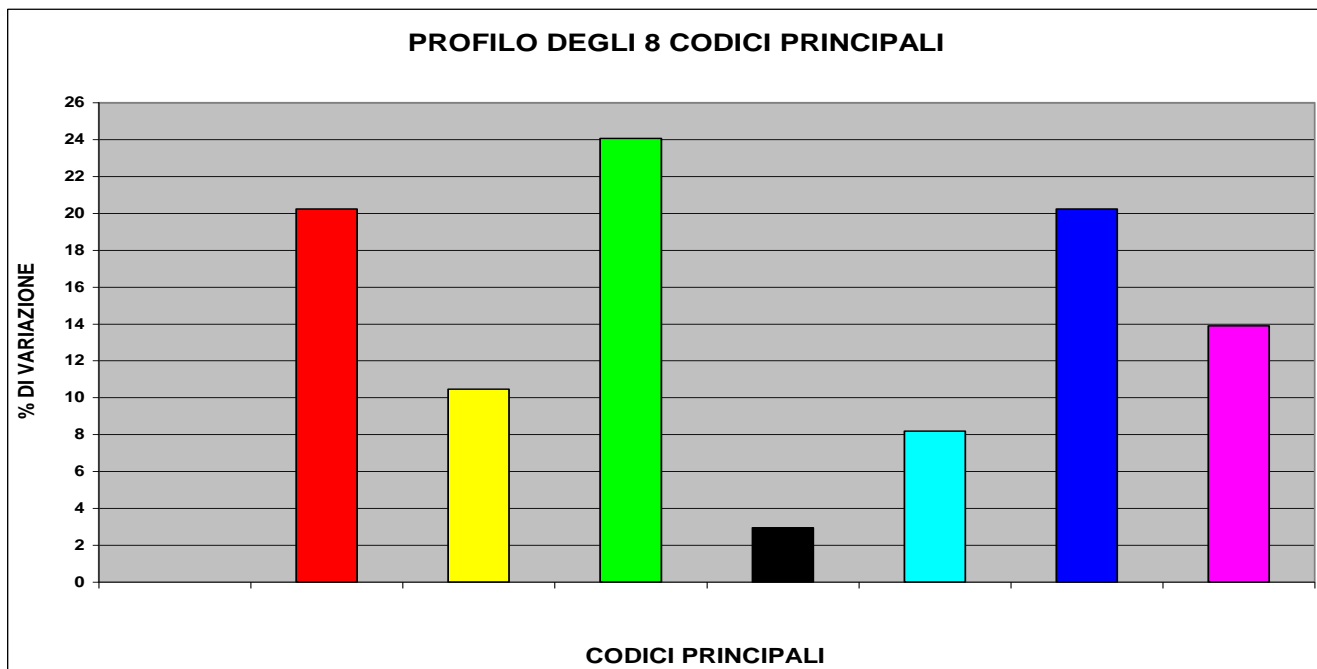


Fig. 41 (A)

Il grafico in Fig. 41 (B) si riferisce all'**undicesima** "nuova sequenza generata" (la **Sequenza n° 11/1**) da quella originaria.

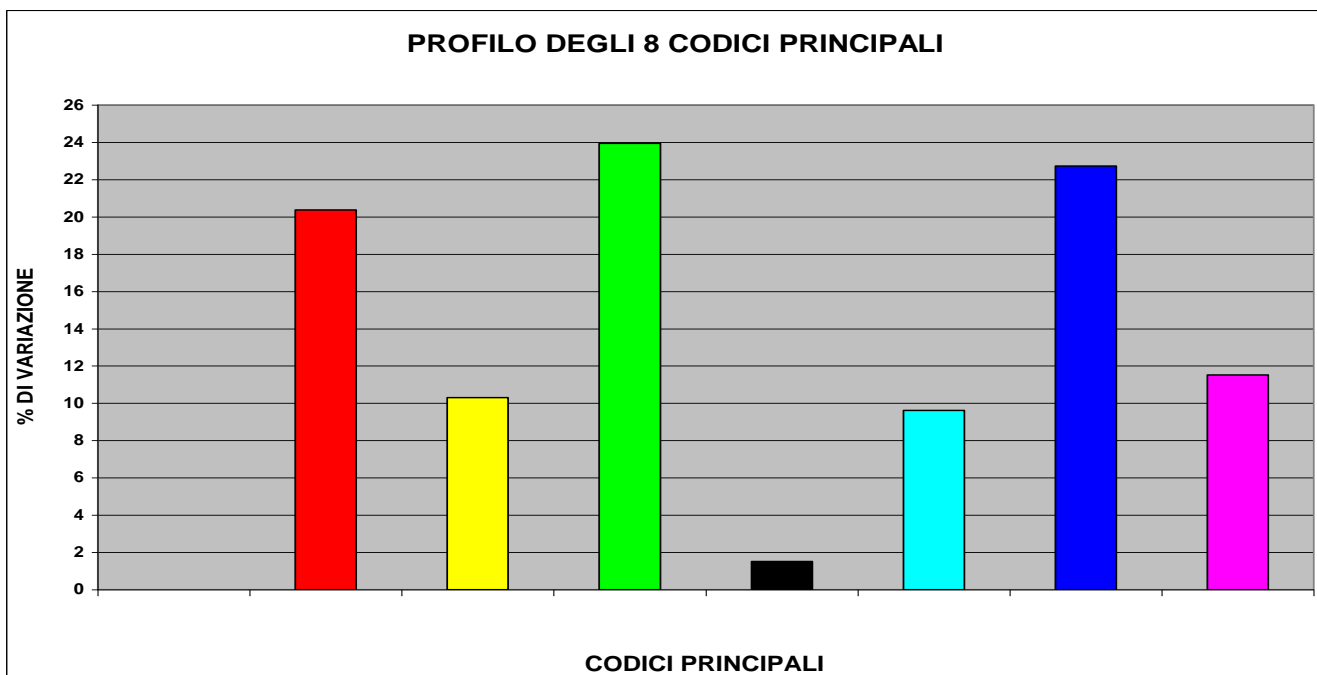
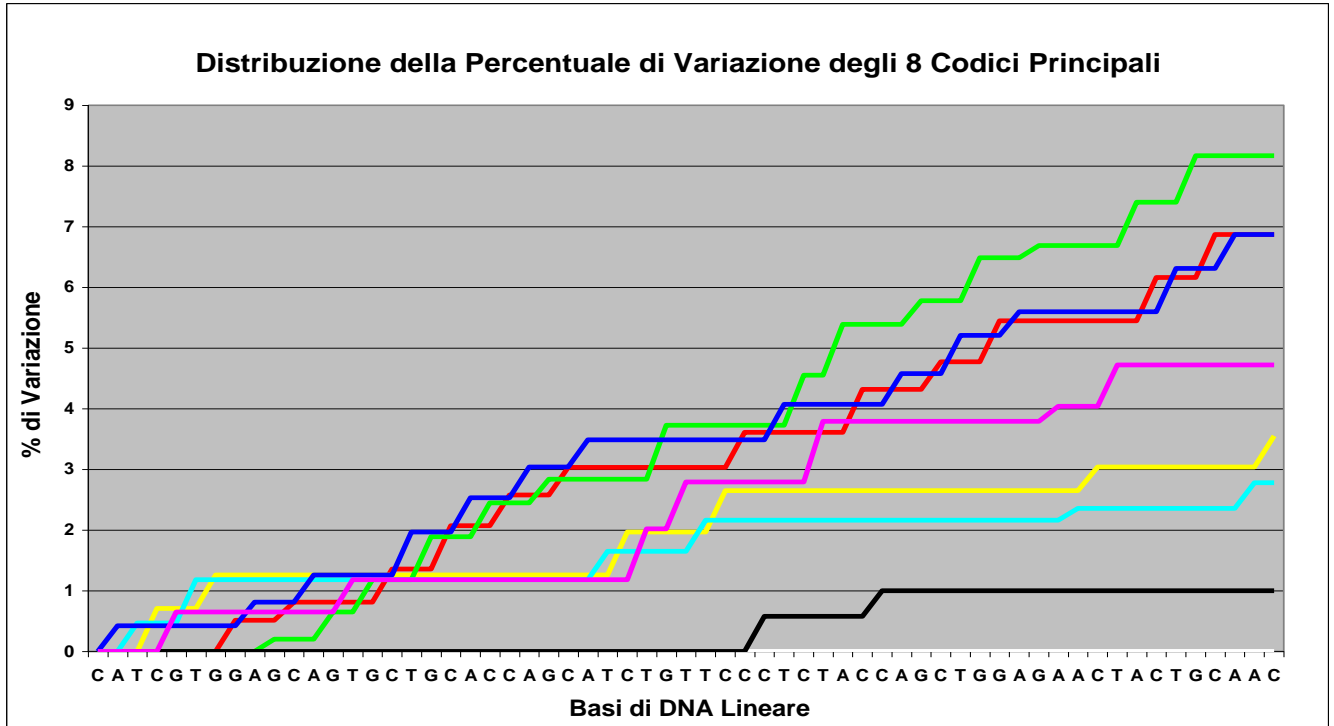


Fig. 41 (B)

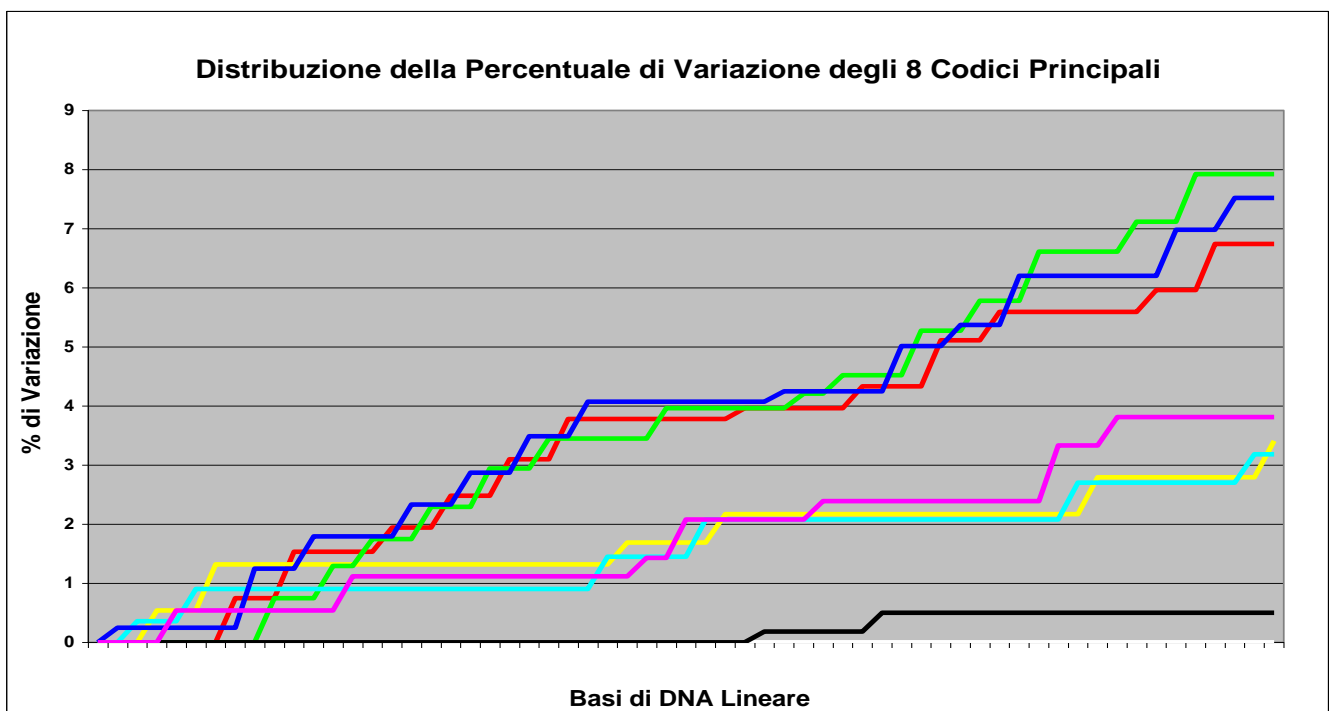
In Fig. 42 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 42 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 42 (A)**

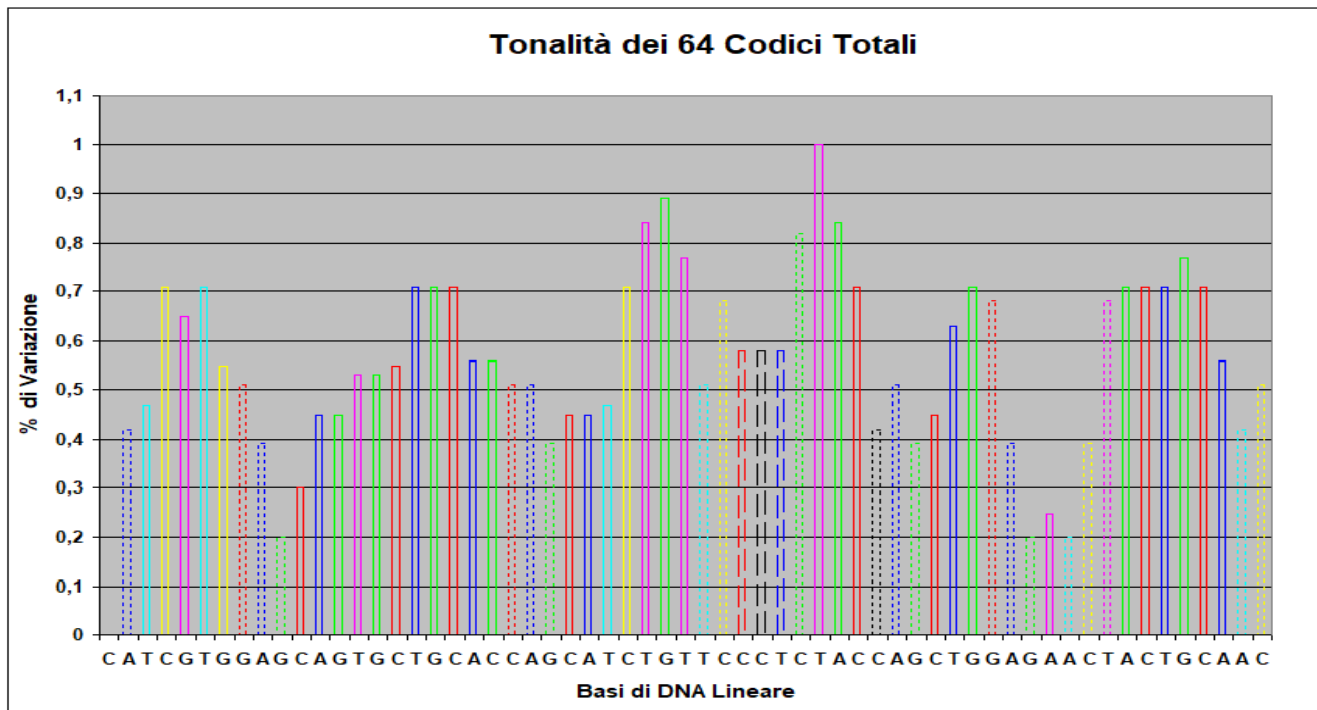
Il grafico in Fig. 42 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 42 (B)**

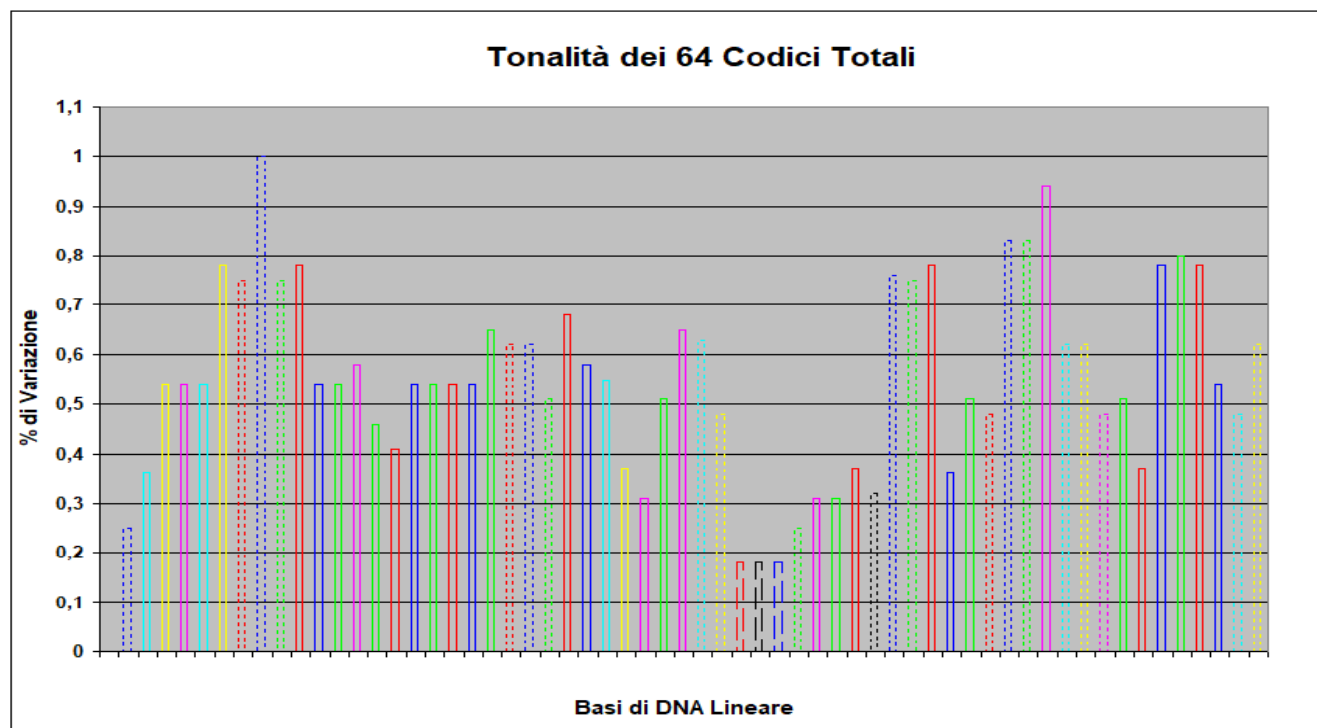
In Fig. 43 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 43 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



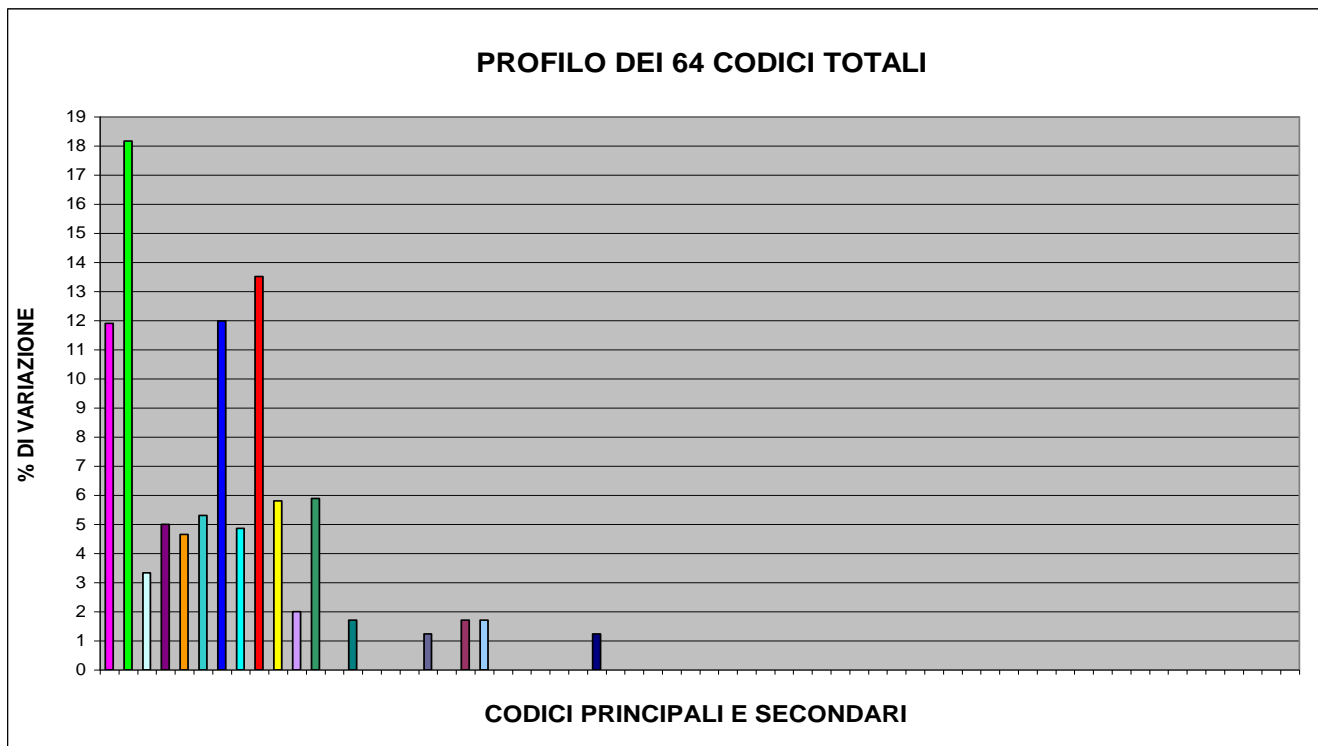
**Fig. 43 (A)**

Il grafico in Fig. 43 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



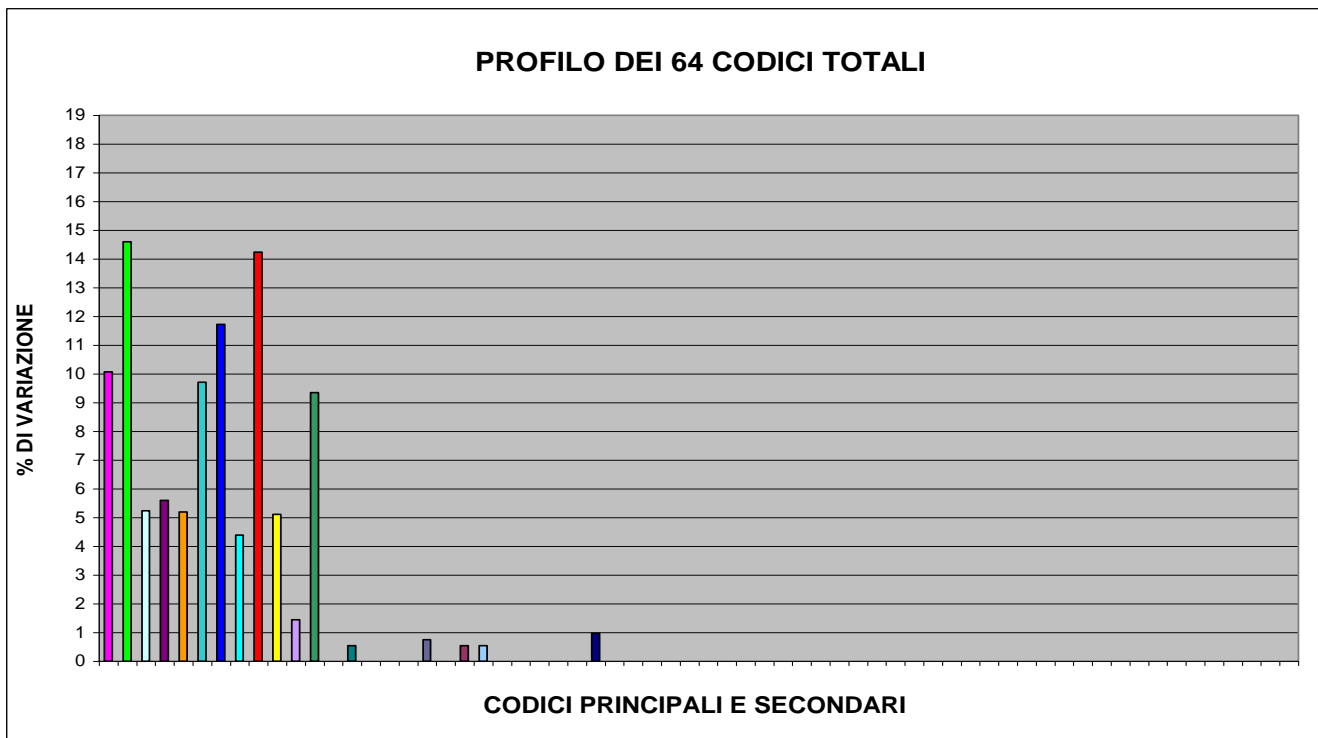
**Fig. 43 (B)**

In Fig. 44 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 44 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 44 (A)**

Il grafico in Fig. 44 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 44 (B)**



Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 11/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 11/1**, SOLTANTO **DIECI BASI** (il **15,87%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.23 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 11/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 11/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 11/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 11/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 11/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 11/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 11/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 11/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_014704914.1	Bipolaris victoriae FI3 hypothetical protein partial mRNA	41.0	41.0	42%	2.6	93%	<a href="#">XM_014704914.1</a>
2 XM_013459060.1	Exophiala xenobiotica hypothetical protein mRNA	41.0	41.0	42%	2.6	93%	<a href="#">XM_013459060.1</a>
3 XM_007904989.1	PREDICTED: Callorhinchus milii protein tyrosine phosphatase, receptor type, Q (ptprq), mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_007904989.1</a>
4 XM_006866173.1	PREDICTED: <b>Chrysochloris asiatica</b> protocadherin alpha subfamily C, 2 (PCDHAC2), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_006866173.1</a>

### Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 11/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":

Allineamenti Sequenza 11/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
4 Select seq <a href="#">XM_006866173.1</a>	PREDICTED: <b>Chrysochloris asiatica</b> protocadherin alpha subfamily C, 2 (PCDHAC2), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">XM_006860809.1</a>	PREDICTED: <b>Chrysochloris asiatica</b> insulin (INS), mRNA

**Analisi della  
Sequenza n° 12/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.24 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 12/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 45 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 45 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

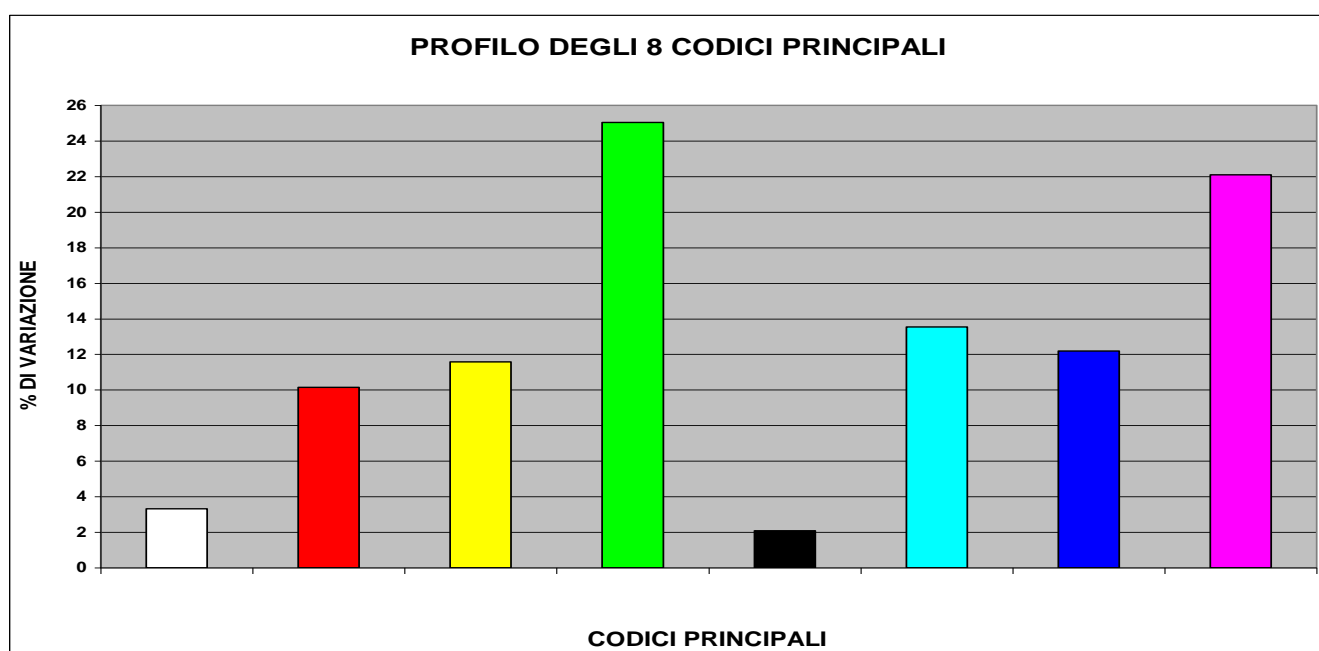


Fig. 45 (A)

Il grafico in Fig. 45 (B) si riferisce alla **dodicesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 12/1**) da quella originaria.

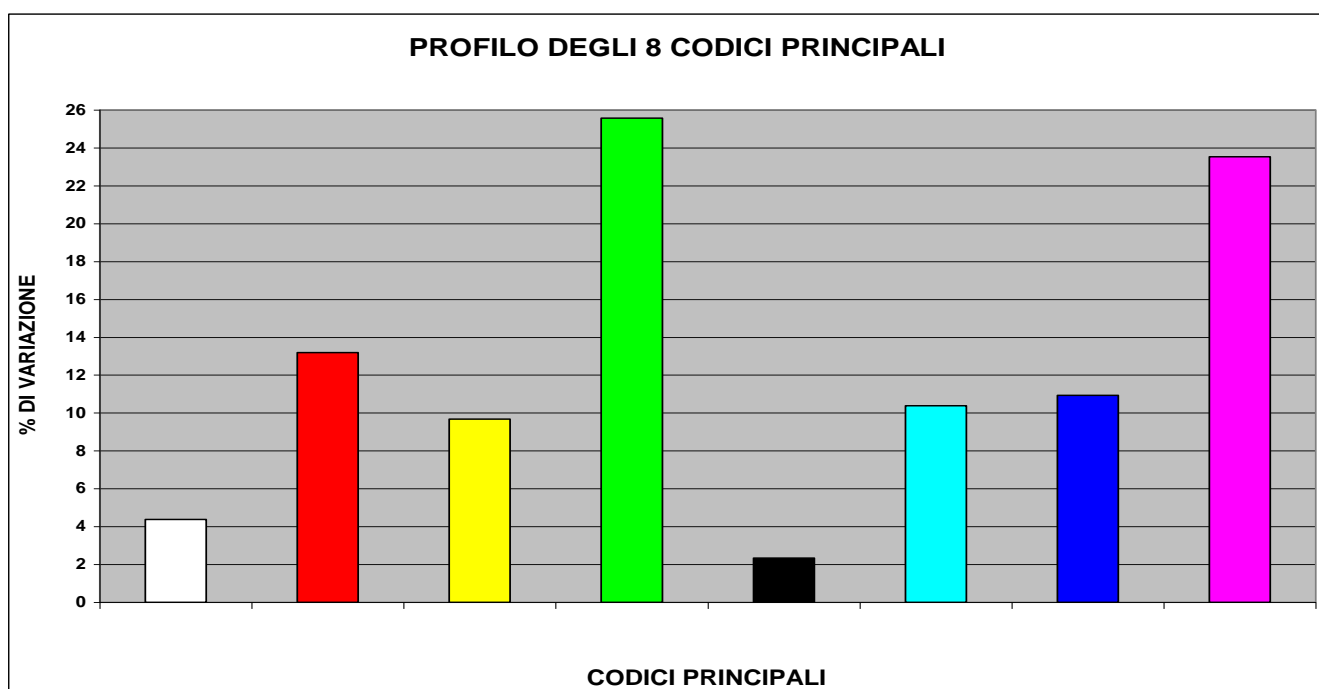
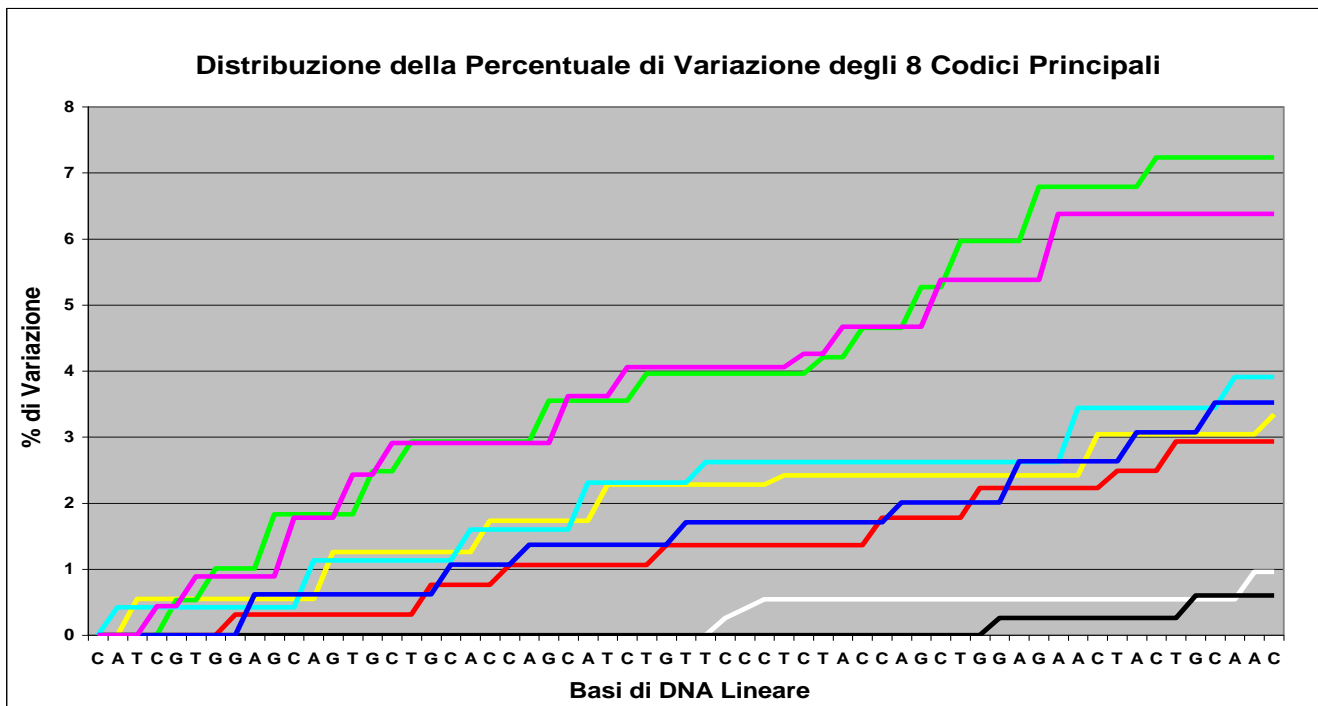


Fig. 45 (B)

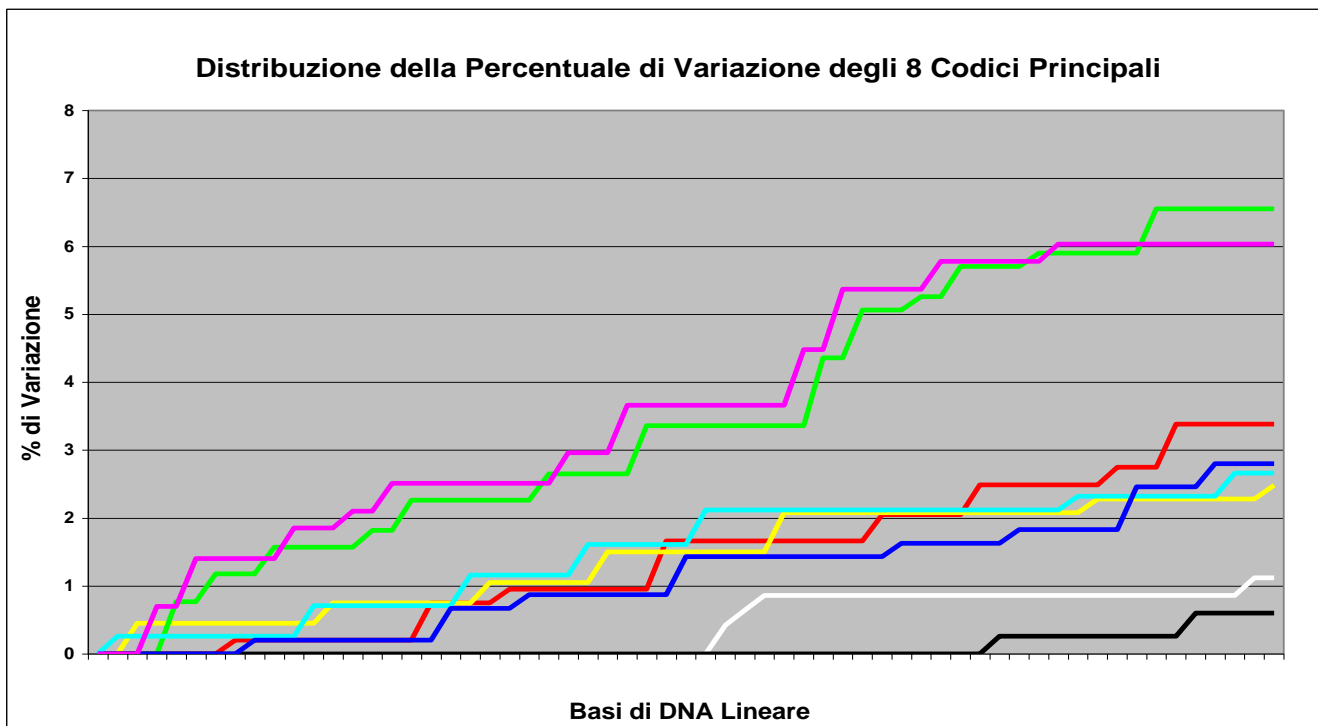
In Fig. 46 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 46 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 46 (A)**

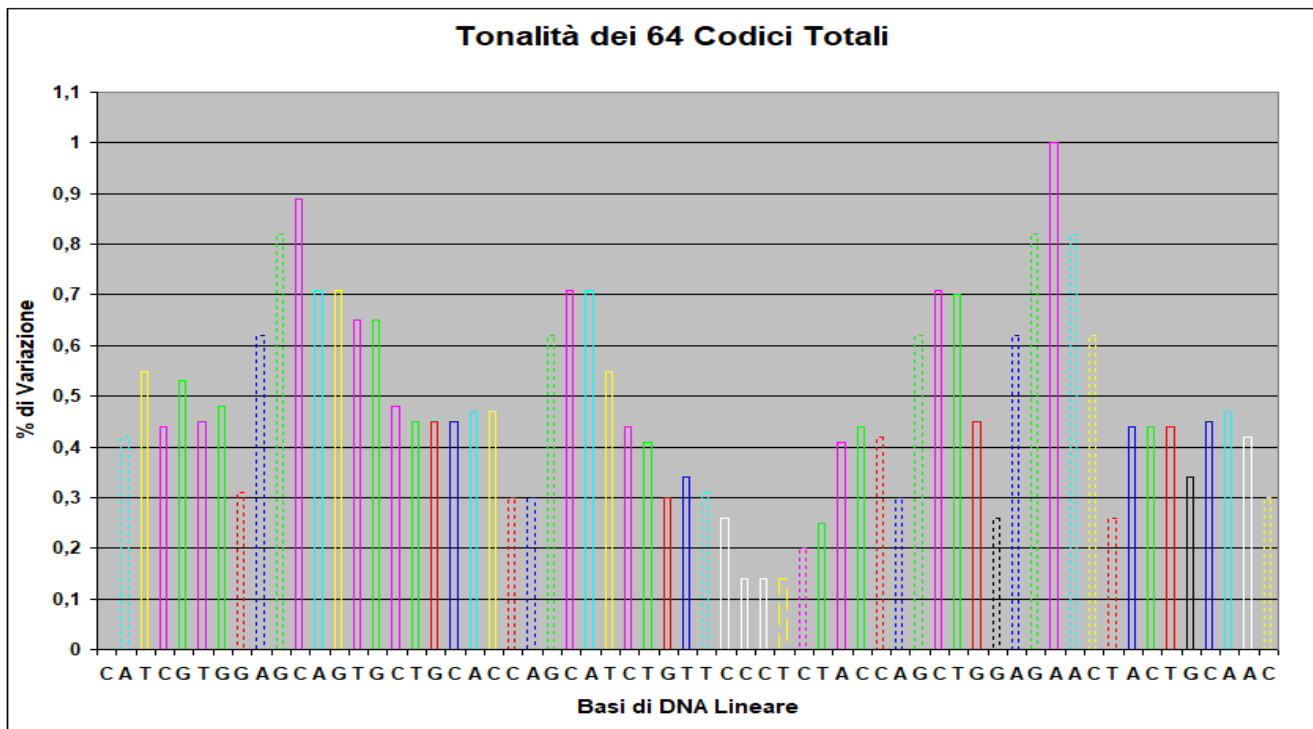
Il grafico in Fig. 46 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 46 (B)**

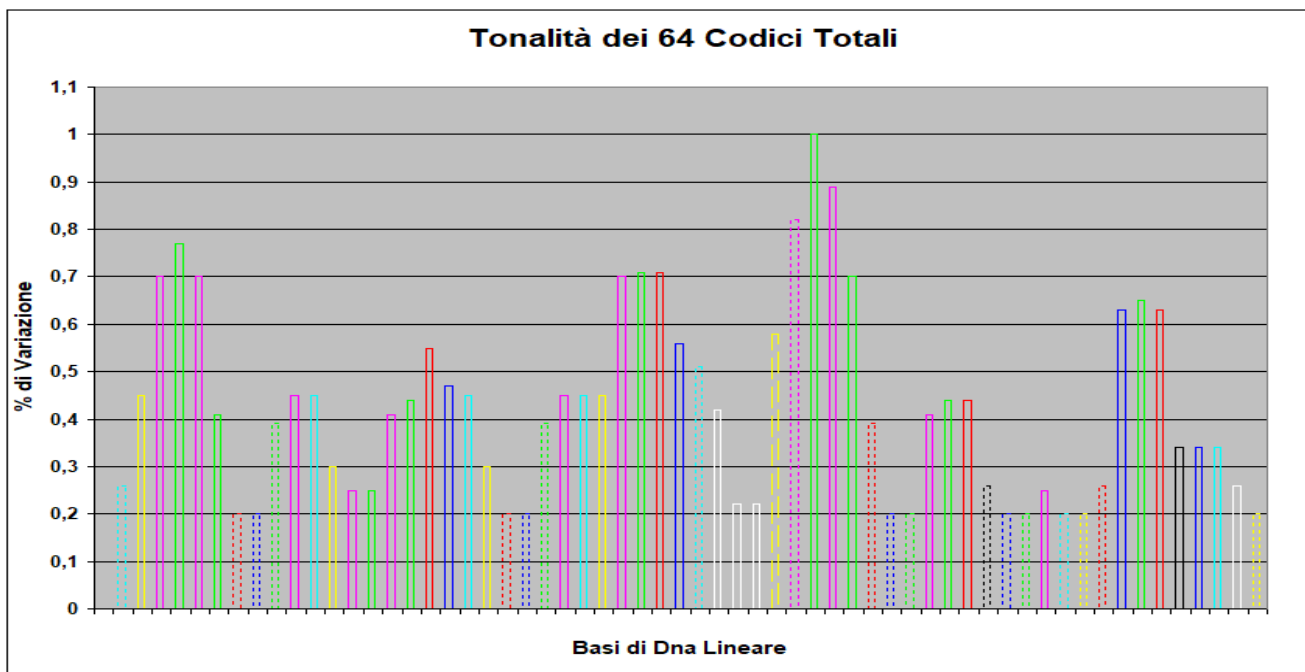
In Fig. 47 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 47 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



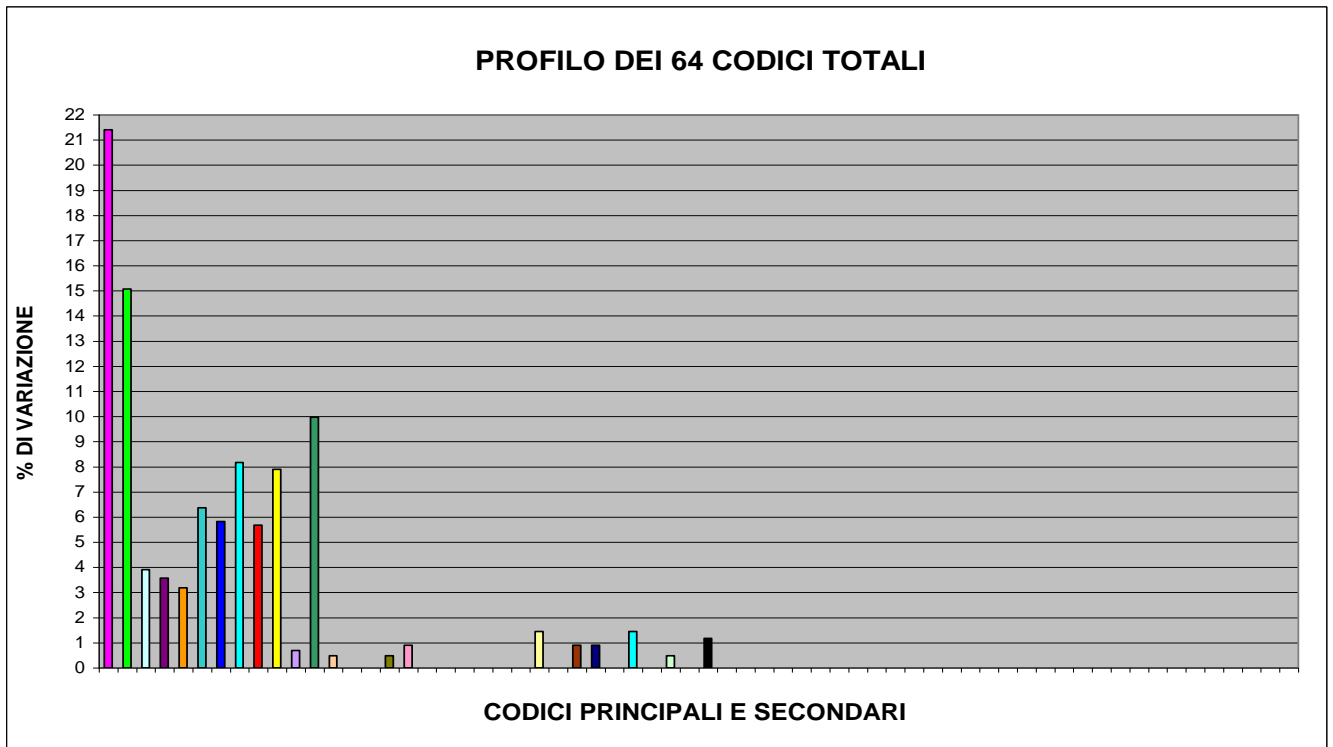
**Fig. 47 (A)**

Il grafico in Fig. 47 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



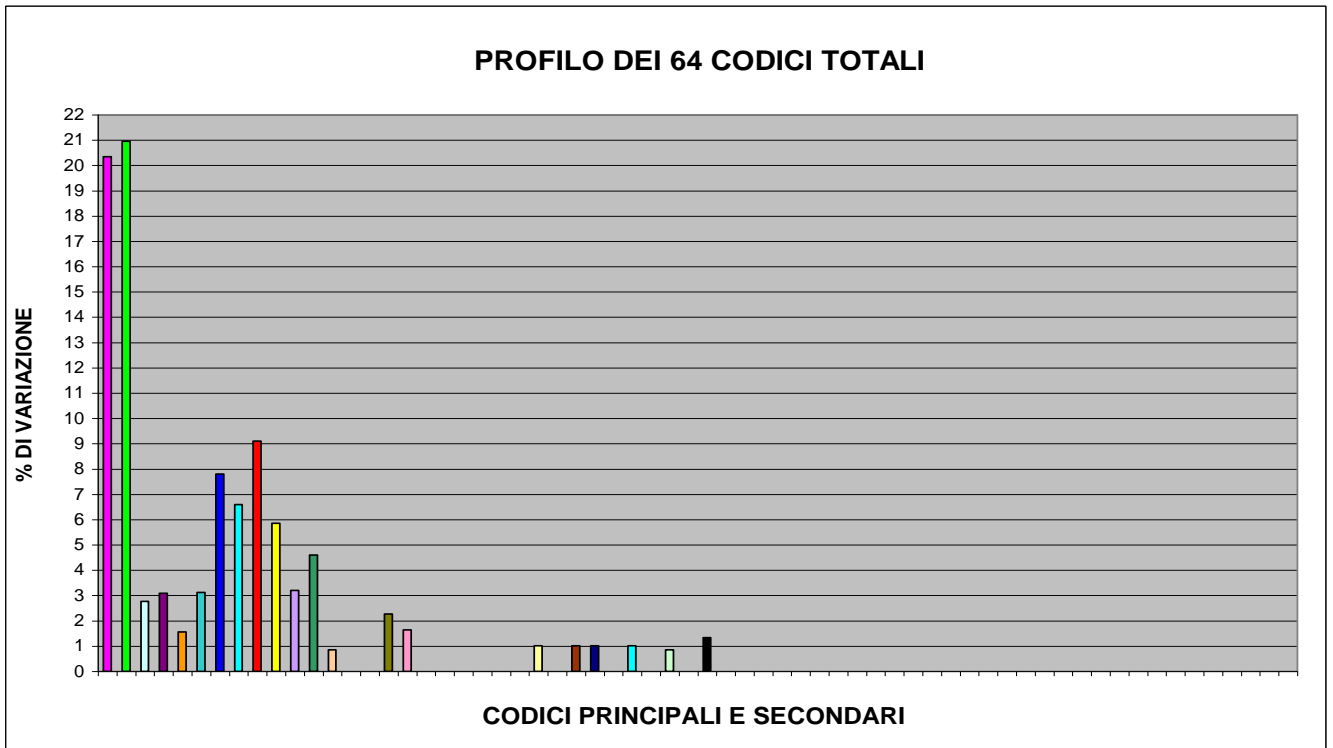
**Fig. 47 (B)**

In Fig. 48 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 48 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 48 (A)**

Il grafico in Fig. 48 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 48 (B)**



Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 12/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 12/1**, SOLTANTO **DIECI BASI** (il **15,87%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.25 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 12/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 12/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 12/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 12/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 12/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 12/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 12/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 12/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_003063336.1	Micromonas pusilla CCMP1545 predicted protein, mRNA	50.9	50.9	63%	0.005	88%	<a href="#">XM_003063336.1</a>
2 XM_017415237.2	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X4, mRNA	46.4	46.4	55%	0.064	89%	<a href="#">XM_017415237.2</a>
3 XM_017415231.2	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X3, mRNA	46.4	46.4	55%	0.064	89%	<a href="#">XM_017415231.2</a>
4 XM_017415222.2	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X2, mRNA	46.4	46.4	55%	0.064	89%	<a href="#">XM_017415222.2</a>
5 XM_017415214.2	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X1, mRNA	46.4	46.4	55%	0.064	89%	<a href="#">XM_017415214.2</a>
6 XM_027340696.1	PREDICTED: <b>Dermatophagoides pteronyssinus</b> uncharacterized LOC113790983 (LOC113790983), mRNA	42.8	42.8	57%	0.78	89%	<a href="#">XM_027340696.1</a>
7 CP016189.1	Mycobacteroides immunogenum strain FLAC016 chromosome, complete genome	41.9	41.9	55%	2.7	86%	<a href="#">CP016189.1</a>
8 CP011530.1	Mycobacterium immunogenum strain CCUG 47286, complete genome	41.9	41.9	55%	2.7	86%	<a href="#">CP011530.1</a>
9 CP002538.1	Deinococcus proteolyticus MRP plasmid pDEIPR02, complete sequence	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">CP002538.1</a>
10 LT854263.1	Zymoseptoria tritici ST99CH_1E4 genome assembly, chromosome: ZT1E4_chr_11	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">LT854263.1</a>
11 LT853702.1	Zymoseptoria tritici ST99CH_3D7 genome assembly, chromosome: 11	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">LT853702.1</a>
12 XM_019301297.1	PREDICTED: <b>Ipomoea</b> nil uncharacterized LOC109153405 (LOC109153405), mRNA	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">XM_019301297.1</a>
13 XM_018842054.1	Fonsecaea erecta hypothetical protein (AYL99_10548), partial mRNA	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">XM_018842054.1</a>
14 XM_003848520.1	Zymoseptoria tritici IPO323 hypothetical protein partial mRNA	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">XM_003848520.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
15 LR026967.1	Podospira comata strain T genome assembly, chromosome: 4	40.1	40.1	57%	9.5	86%	<a href="#">LR026967.1</a>
16 XM_013606212.2	PREDICTED: Medicago truncatula uncharacterized LOC25491154 (LOC25491154), mRNA	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">XM_013606212.2</a>
17 CP016004.1	<b>Burkholderia</b> sp. KK1 plasmid pkk3 sequence	40.1	40.1	49%	9.5	90%	<a href="#">CP016004.1</a>
18 CP003075.1	Pelagibacterium halotolerans B2, complete genome	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">CP003075.1</a>
19 CP002840.1	Halopiger xanaduensis SH-6 plasmid pHALXA01, complete genome	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">CP002840.1</a>
20 XM_002295177.1	Thalassiosira pseudonana CCMP1335 importin alpha 1 subunit-like protein mRNA	40.1	40.1	66%	9.5	80%	<a href="#">XM_002295177.1</a>
21 XM_028198118.1	PREDICTED: Camellia sinensis uncharacterized LOC114258210 (LOC114258210), mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_028198118.1</a>
22 CP025668.1	<b>Ipomoea triloba</b> cultivar NCNSP0323 chromosome 9	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">CP025668.1</a>
23 CP030984.1	Arachis hypogaea cultivar Shitouqi chromosome A02	39.2	156	41%	9.5	92%	<a href="#">CP030984.1</a>
24 XR_003201898.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1 pseudogene (LOC112801352), misc_RNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XR_003201898.1</a>
25 XM_025796929.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X10, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796929.1</a>
26 XM_025796923.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X9, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796923.1</a>
27 XM_025796916.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X8, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796916.1</a>
28 XM_025796911.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X7, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796911.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
29 XM_025796903.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X6, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796903.1</a>
30 XM_025796901.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X5, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796901.1</a>
31 XM_025796896.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X4, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796896.1</a>
32 XM_025796888.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796888.1</a>
33 XM_025796880.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796880.1</a>
34 XM_025796874.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC112748643), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_025796874.1</a>
35 XR_003175031.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1 pseudogene (LOC112748548), transcript variant X2, misc_RNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XR_003175031.1</a>
36 XR_003175030.1	PREDICTED: Arachis hypogaea 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1 pseudogene (LOC112748548), transcript variant X1, misc_RNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XR_003175030.1</a>
37 CP024201.1	Caulobacter mirabilis strain FWC 38 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP024201.1</a>
38 CP023743.1	<b>13/1</b> <b>Gossypium</b> hirsutum cultivar TM1 chromosome A11	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP023743.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
39 XM_021135610.1	PREDICTED: <i>Arachis duranensis</i> 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1-like (LOC107475020), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_021135610.1</a>
40 XM_016346756.2	PREDICTED: <i>Arachis ipaensis</i> 2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1 (LOC107643175), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_016346756.2</a>
41 CP016428.1	<i>Bradyrhizobium icense</i> strain LMTR 13, complete genome	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP016428.1</a>
42 XM_016732710.1	<i>Sporothrix schenckii</i> 1099-18 serine/threonine-kinase (SPSK_06002), partial mRNA	39.2	39.2	50%	9.5	88%	<a href="#">XM_016732710.1</a>
43 XM_012346141.1	<i>Saprolegnia parasitica</i> CBS 223.65 hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	53%	9.5	89%	<a href="#">XM_012346141.1</a>
44 <a href="#">XR_001013343.1</a>	<b>10/1</b> PREDICTED: <i>Cercocebus atys</i> pepsin A-like (LOC105581134), misc_RNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XR_001013343.1</a>
45 XM_004346445.1	<i>Acanthamoeba castellanii</i> str. Neff Histone-lysine N-methyltransferase (ACA1_226770) mRNA, complete cds	39.2	39.2	53%	9.5	89%	<a href="#">XM_004346445.1</a>
46 FO082843.1	<i>Nocardia cyriacigeorgica</i> GUH-2 chromosome complete genome	39.2	39.2	47%	9.5	90%	<a href="#">FO082843.1</a>

**NOTA BENE:**

Parecchi mesi prima della data di pubblicazione di questo nuovo Capitolo, con nostra sorpresa, una **Sequenza** che già avevamo identificato come risultato della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 12/1** e che produceva allineamenti significativi con il nematoda **Heligmosomoides polygyrus** (oggetto di studio e di approfondimento bibliografico del Capitolo I° Parte Prima), per motivazioni che non ci sono note, è stata rimossa dall'archivio del National Center for Biotechnology Information (NCBI).

Sequenza rimossa dall'archivio:

*Sequence producing significant alignments:*

*Score E  
(Bits) Value Identit.*

[LL197912.1 Heligmosomoides polygyrus genome](#)

[assembly H\\_bakeri\\_Edinburgh, scaffold HPBE\\_scaffold0009137.....](#) 41.0 2.3 **93%**

Record removed. *This record was removed at the submitter's request. Please contact [update@ebi.ac.uk](mailto:update@ebi.ac.uk) for further details.*

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 12/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 12/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
2 Select seq <a href="#">XM_017415237.2</a>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X4, mRNA	Select seq <a href="#">XM_017440672.2</a>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> insulin (LOC108250678), mRNA
3 Select seq <a href="#">XM_017415231.2</a>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X3, mRNA	Select seq <a href="#">XM_017419715.2</a>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> insulin-like (LOC108237967), mRNA
4 Select seq <a href="#">XM_017415222.2</a>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X2, mRNA		
5 Select seq <a href="#">XM_017415214.2</a>	PREDICTED: <b>Kryptolebias marmoratus</b> pericentrin-like (LOC108235288), transcript variant X1, mRNA		
44 Select seq <a href="#">XR_001013343.1</a> <b>10/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> pepsin A-like (LOC105581134), misc_RNA	Select seq <a href="#">XM_012041172.1</a> <b>10/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_012041171.1</a> <b>10/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_012041169.1</a> <b>10/1</b>	PREDICTED: <b>Cercocebus atys</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA



**Analisi della  
Sequenza n° 13/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.26 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 13/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 49 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 49 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

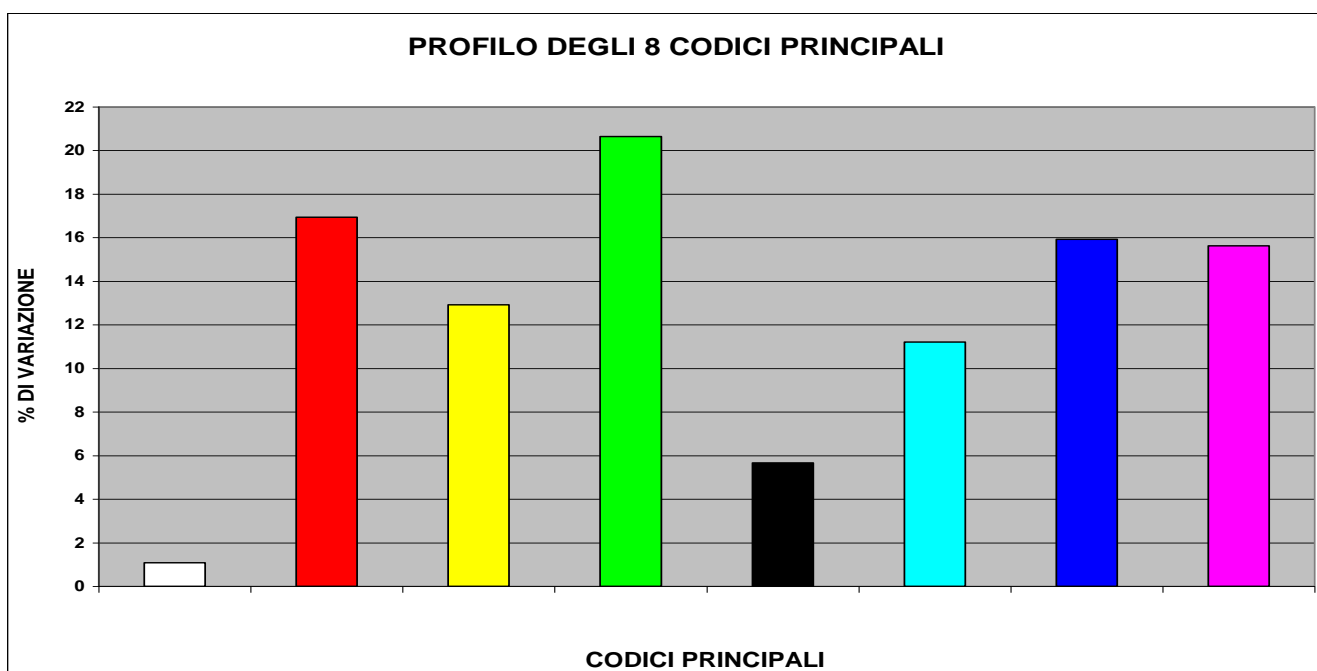


Fig. 49 (A)

Il grafico in Fig. 49 (B) si riferisce alla **tredicesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 13/1**) da quella originaria.

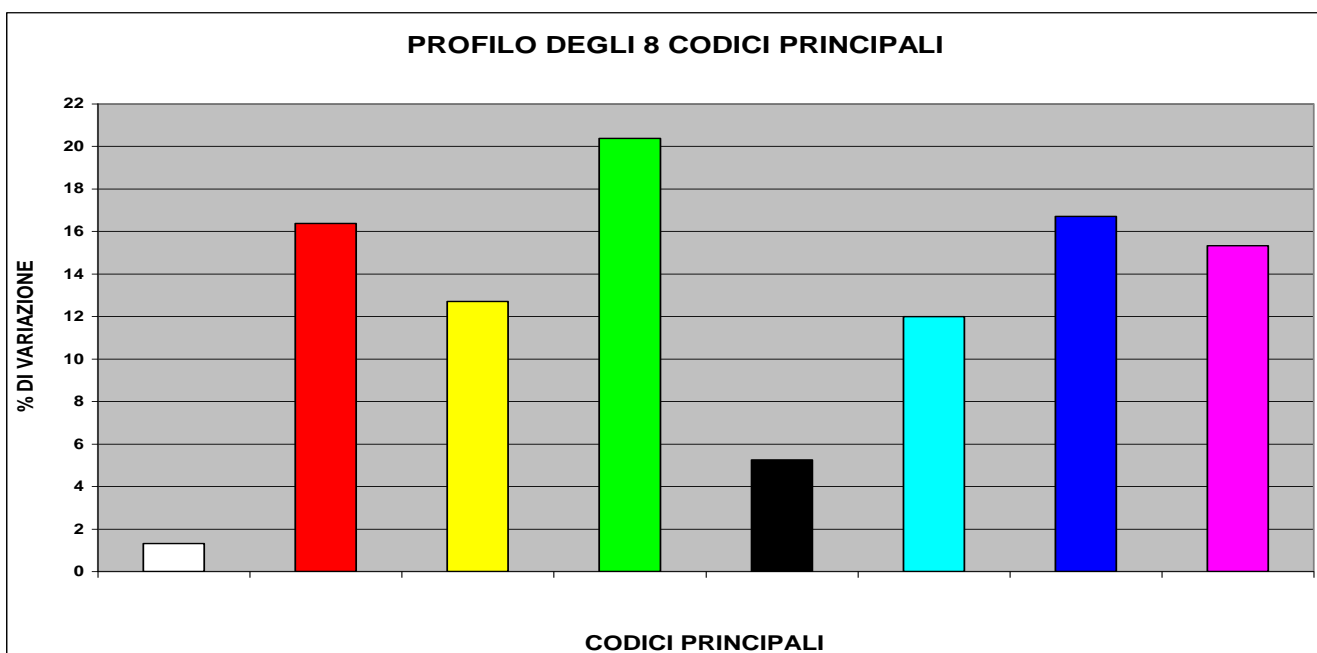
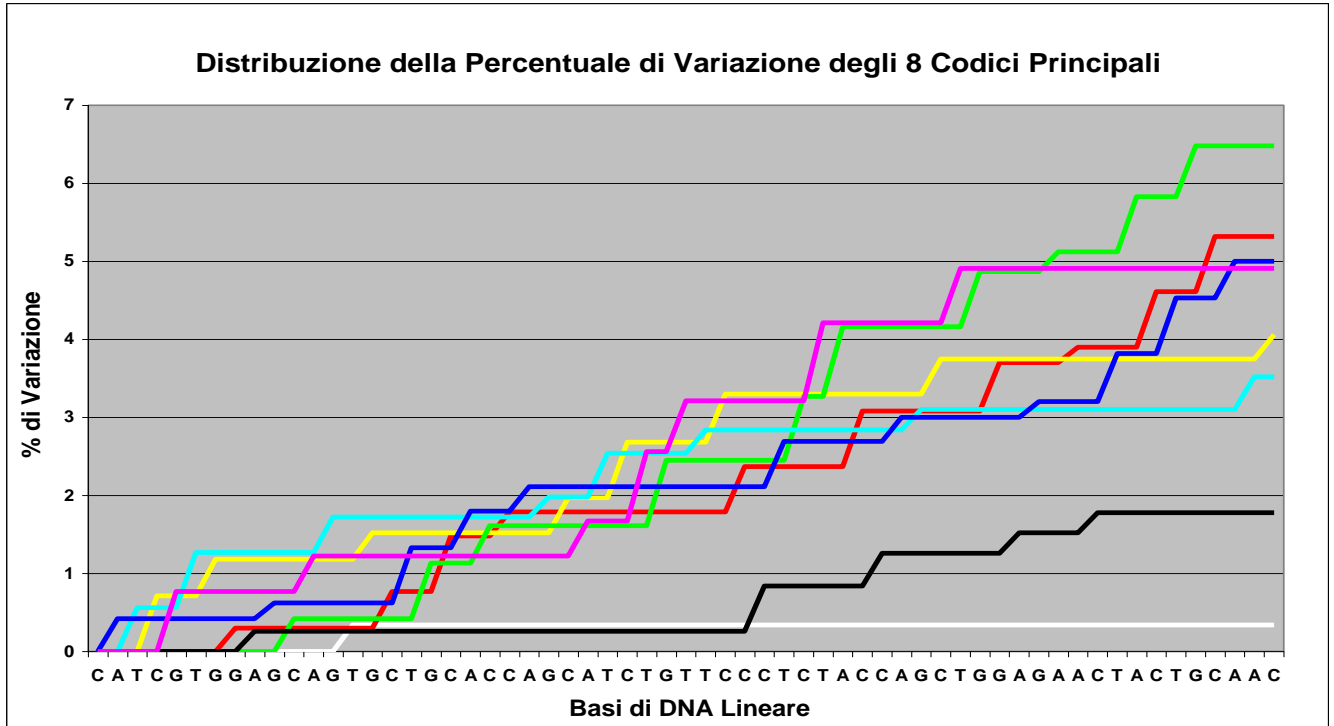


Fig. 49 (B)

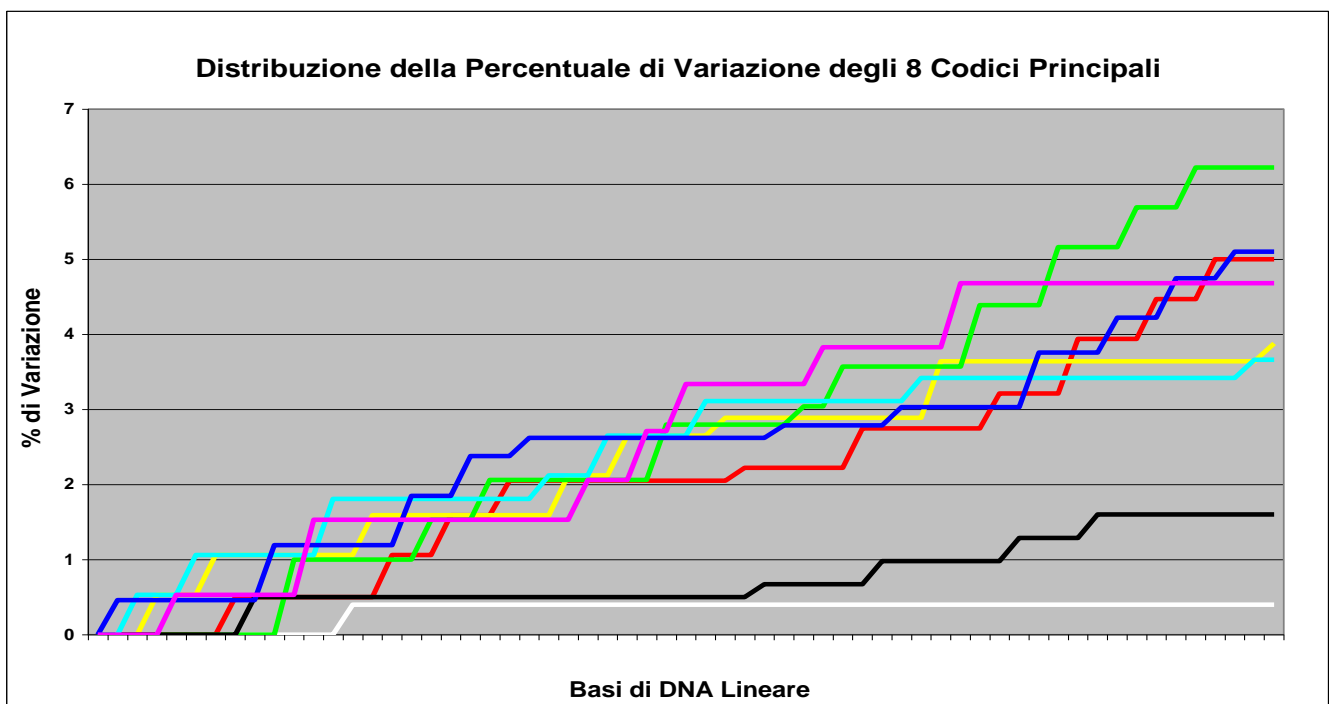
In Fig. 50 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 50 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 50 (A)**

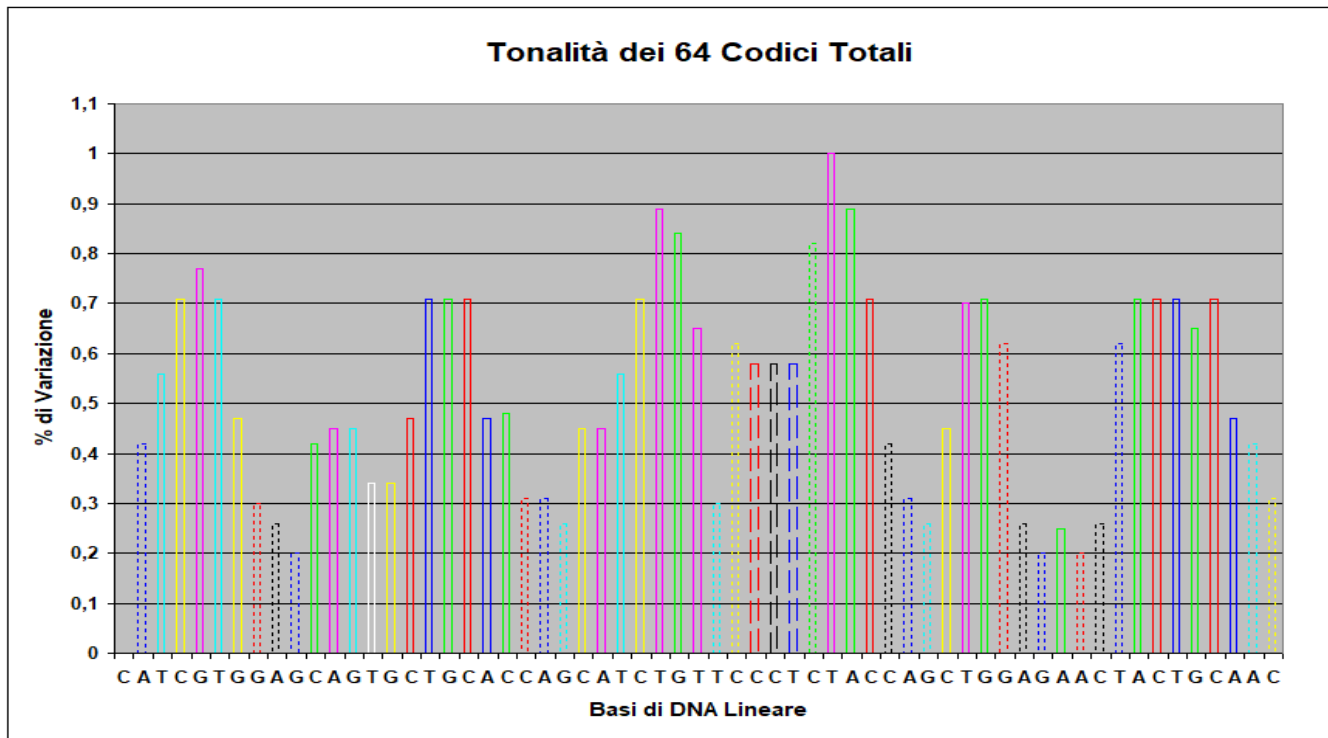
Il grafico in Fig. 50 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 50 (B)**

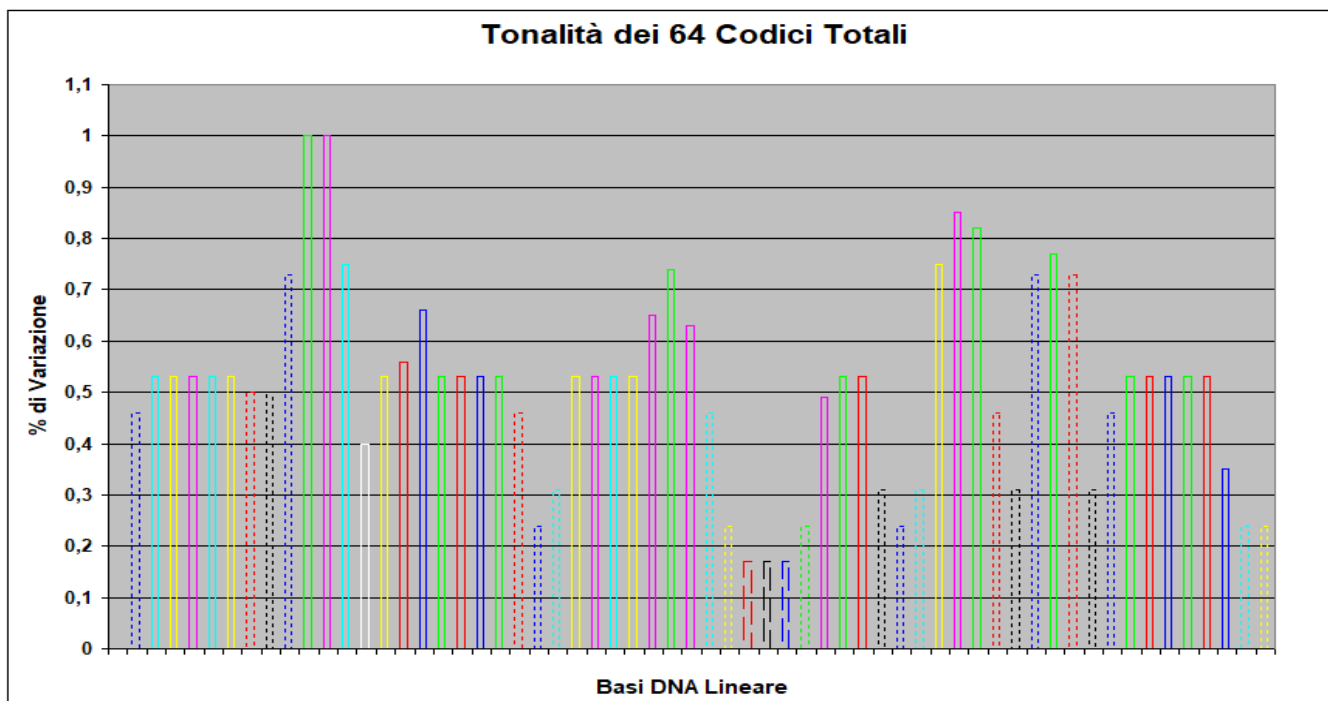
In Fig. 51 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 51 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



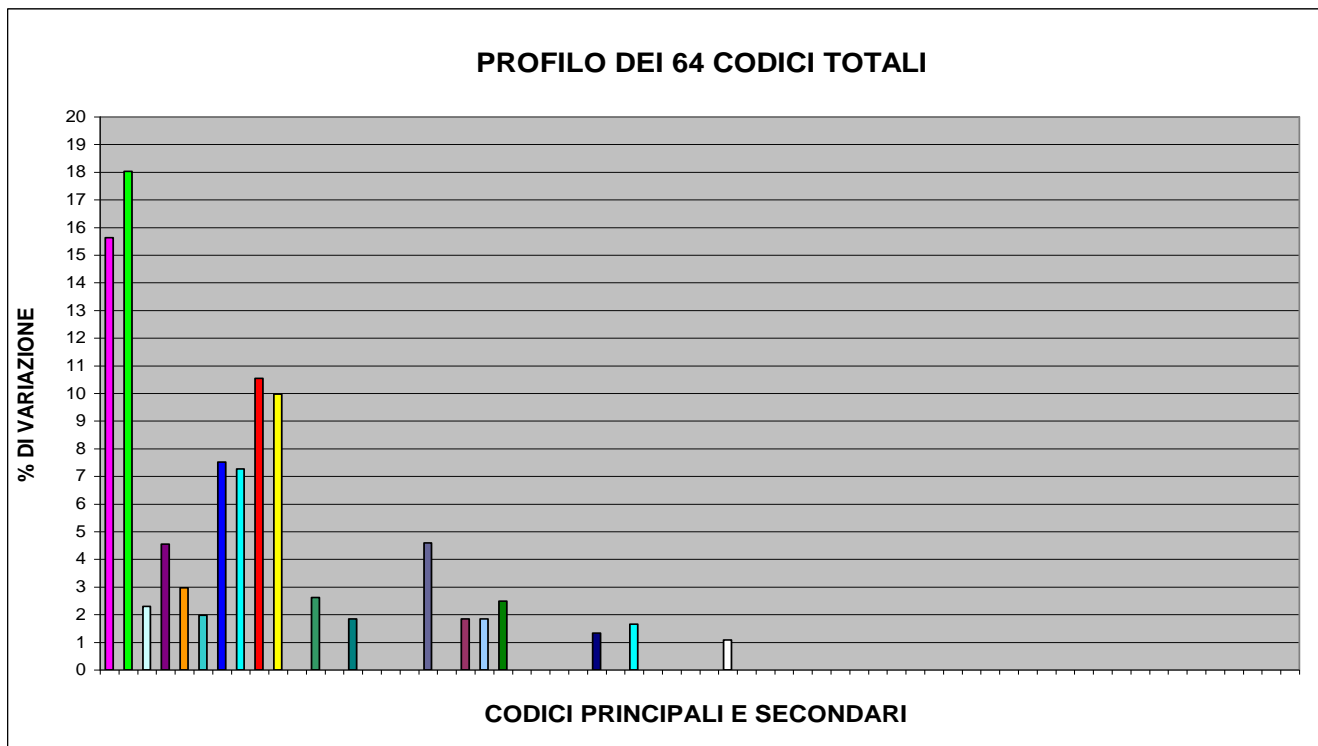
**Fig. 51 (A)**

Il grafico in Fig. 51 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



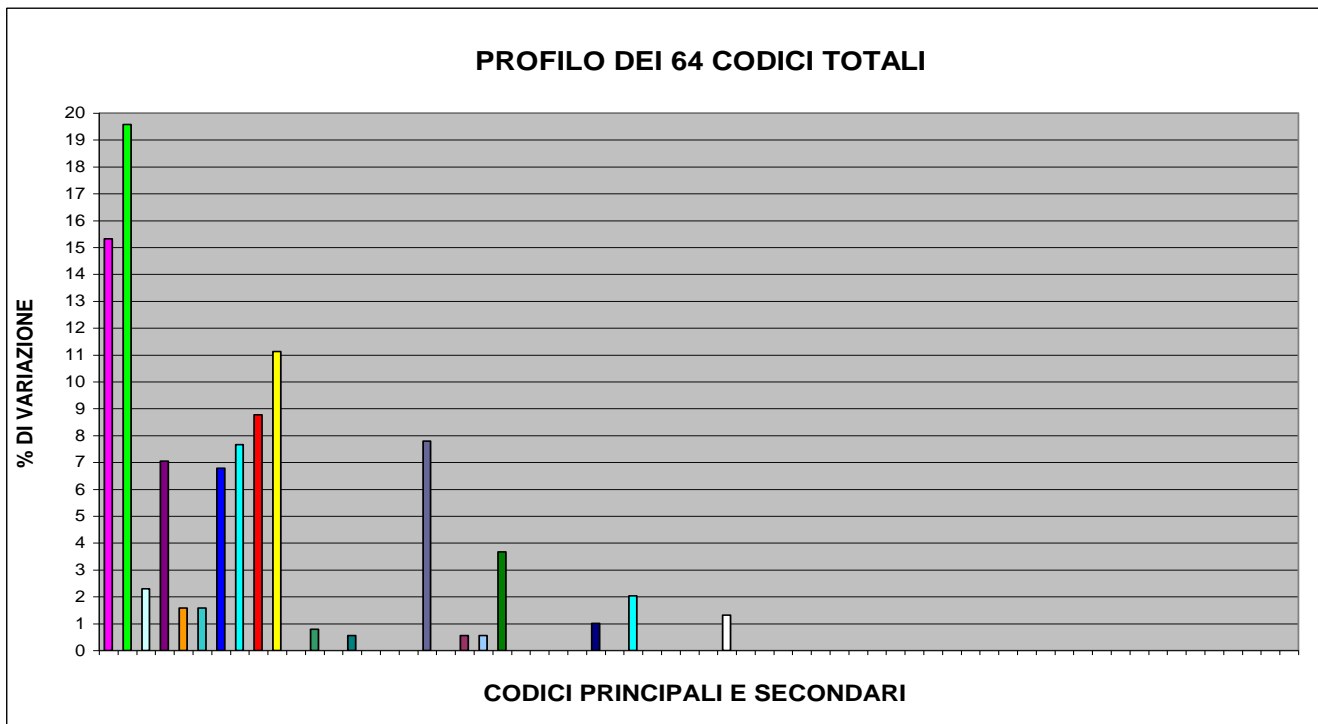
**Fig. 51 (B)**

In Fig. 52 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 52 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 52 (A)**

Il grafico in Fig. 52 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 52 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 13/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 13/1**, SOLTANTO **SEDICI BASI** (il **25,40%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.27 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 13/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 13/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 13/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 13/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 13/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 13/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 13/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 13/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_012624036.1	PREDICTED: <b>Gossypium</b> raimondii dnaJ homolog subfamily B member 1-like (LOC105794733), mRNA	41.9	41.9	47%	2.6	90%	<a href="#">XM_012624036.1</a>
2 AC163349.3	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-188F5 from chromosome 3, complete sequence	41.9	41.9	39%	2.6	96%	<a href="#">AC163349.3</a>
3 AC150893.3	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP24-403H13 from chromosome 3, complete sequence	41.9	41.9	39%	2.6	96%	<a href="#">AC150893.3</a>
4 CP026254.1	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 12	41.0	41.0	42%	2.6	93%	<a href="#">CP026254.1</a>
5 CP023019.1	Shewanella sp. WE21 chromosome, complete genome	41.0	41.0	34%	2.6	100%	<a href="#">CP023019.1</a>
6 CP015971.1	Arachidococcus sp. BS20, complete genome	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">CP015971.1</a>
7 XM_014055903.1	PREDICTED: Thamnophis sirtalis ganglioside induced differentiation associated protein 1 (GDAP1), mRNA	40.1	40.1	61%	9.5	85%	<a href="#">XM_014055903.1</a>
8 AL844491.14	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone RP23-173A8 on chromosome 11, complete sequence	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">AL844491.14</a>
9 XM_027348268.1	PREDICTED: <b>Dermatophagoides pteronyssinus</b> dual specificity protein kinase splA-like (LOC113797827), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_027348268.1</a>
10 MK072158.1	Faunusvirus sp. clone Faunusvirus_27 genomic sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">MK072158.1</a>
11 XM_026937320.1	PREDICTED: Pangasianodon hypophthalmus zinc finger protein 622 (znf622), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_026937320.1</a>
12 XM_026937319.1	PREDICTED: Pangasianodon hypophthalmus zinc finger protein 622 (znf622), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_026937319.1</a>



Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
13 XM_026937318.1	PREDICTED: Pangasianodon hypophthalmus zinc finger protein 622 (znf622), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_026937318.1</a>
14 CP011391.1	Faecalibaculum rodentium strain Alo17, complete genome	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP011391.1</a>
15 XM_957723.2	<b>17/1</b> <a href="#">Neurospora crassa OR74A</a> hypothetical protein (NCU07883), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_957723.2</a>
16 HF679027.1	<b>10/1</b> <a href="#">Fusarium</a> fujikuroi IMI 58289 draft genome, chromosome FFUJ_chr05	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">HF679027.1</a>
17 XM_003323363.2	Puccinia graminis f. sp. tritici CRL 75-36-700-3 hypothetical protein (PGTG_04948), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_003323363.2</a>
18 AF231375.1	Heteropsylla texana diffusible secreted glycoprotein (wg) gene, partial cds	39.2	39.2	52%	9.5	88%	<a href="#">AF231375.1</a>

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 13/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 13/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
2 Select seq <a href="#">AC163349.3</a>	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-188F5 from chromosome 3, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_021152514.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA
3 Select seq <a href="#">AC150893.3</a>	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP24-403H13 from chromosome 3, complete sequence	Select seq <a href="#">DQ250565.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_021215010.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008386.4</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA
		Select seq <a href="#">BC145868.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ479923.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC163452.12</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-405C7, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC136710.8</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-35B13, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC140320.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence
		Select seq <a href="#">BC098468.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 13/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 13/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AK148541.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007345.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">XM_021168754.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021168753.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185084.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185083.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008387.5</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">JN959239.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">JN951270.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">BC145554.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 13/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **"Specie degli Organismi in Comune"**:

Allineamenti Sequenza 13/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BC099934.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds
		Select seq <a href="#">BC132650.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ250569.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AK007612.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007482.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">BC066208.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)
		Select seq <a href="#">AC012382.14</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899305.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AC013548.13</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AP003182.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 17/1 18/1	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 13/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **"Specie degli Organismi in Comune"**:

Allineamenti Sequenza 13/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">GQ915612.1</a> <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>17/1 18/1</b>	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">XM_021204833.1</a> <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021204825.1</a> <b>1/1 6/1 8/1 10/1</b> <b>17/1 18/1</b>	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA
4 Select seq <a href="#">CP026254.1</a>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 12	Select seq <a href="#">CP026246.1</a> <b>10/1 17/1</b>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 4
		Select seq <a href="#">CP026255.1</a> <b>10/1 17/1</b>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 13
8 Select seq <a href="#">AL844491.14</a>	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone RP23-173A8 on chromosome 11, complete sequence	Select seq <a href="#">X04725.1</a> <b>8/1 10/1 17/1</b>	<b>Mouse</b> preproinsulin gene I
		Select seq <a href="#">X04725.1</a> <b>8/1 10/1 17/1</b>	<b>Mouse</b> preproinsulin gene II

**Analisi della  
Sequenza n° 14/1 della  
Catena A dell'Insulina**

## 1.28 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 14/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 53 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 53 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

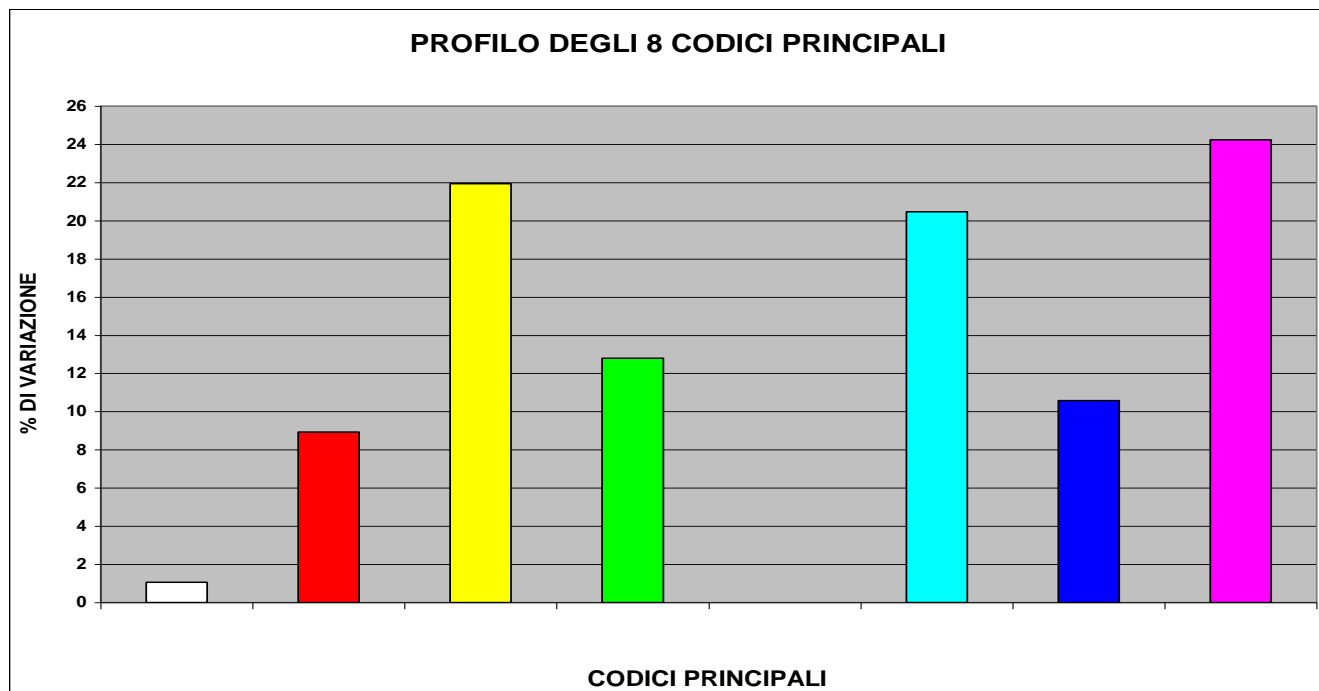


Fig. 53 (A)

Il grafico in Fig. 53 (B) si riferisce alla **quattordicesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 14/1**) da quella originaria.

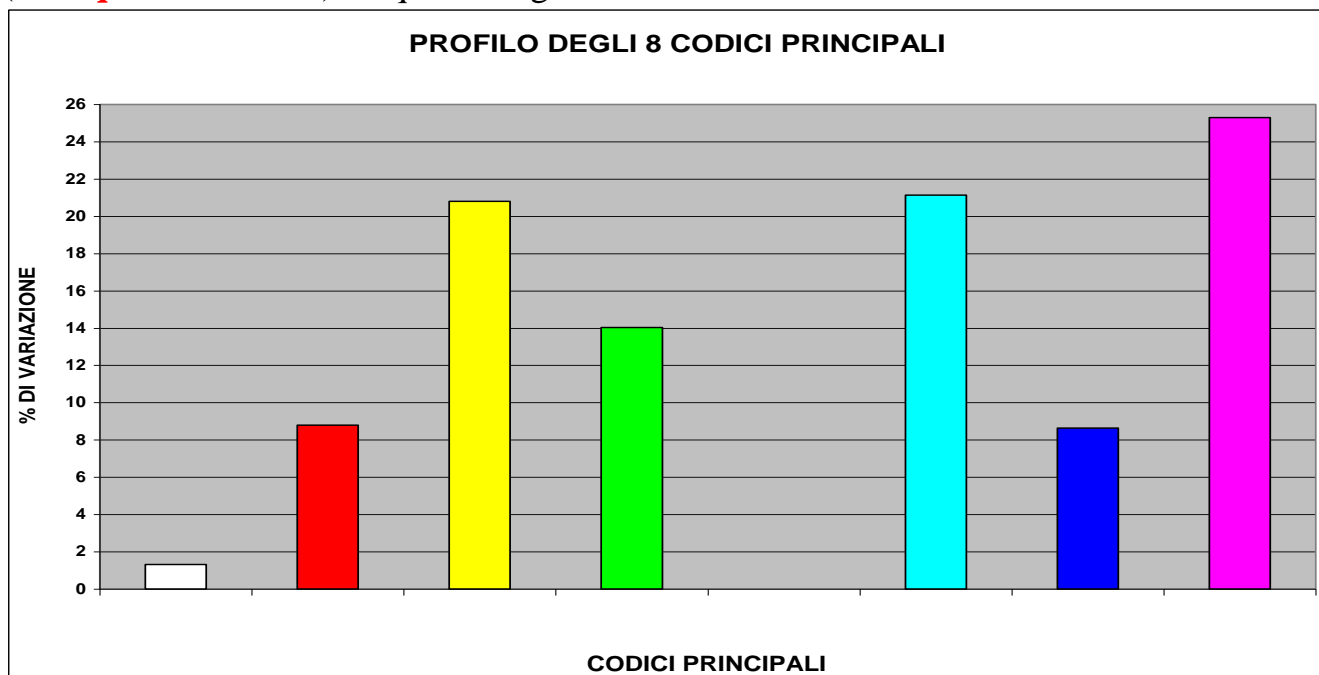
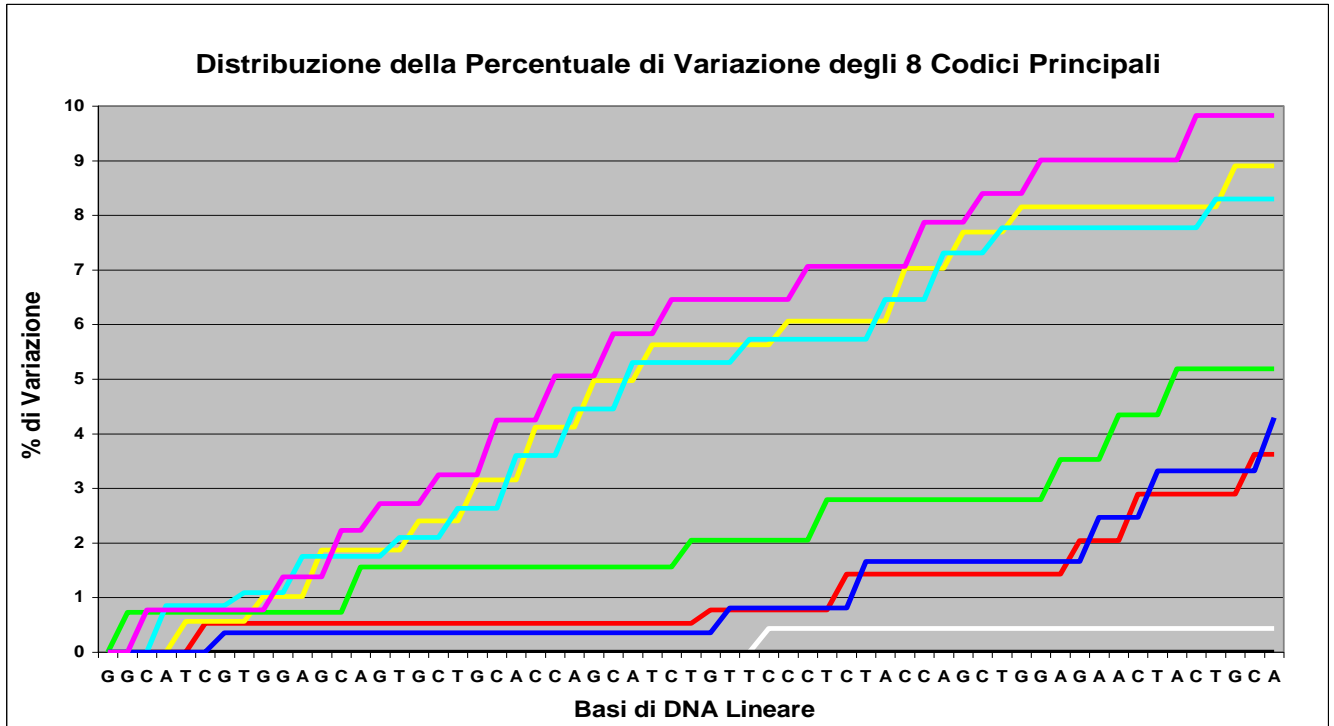


Fig. 53 (B)

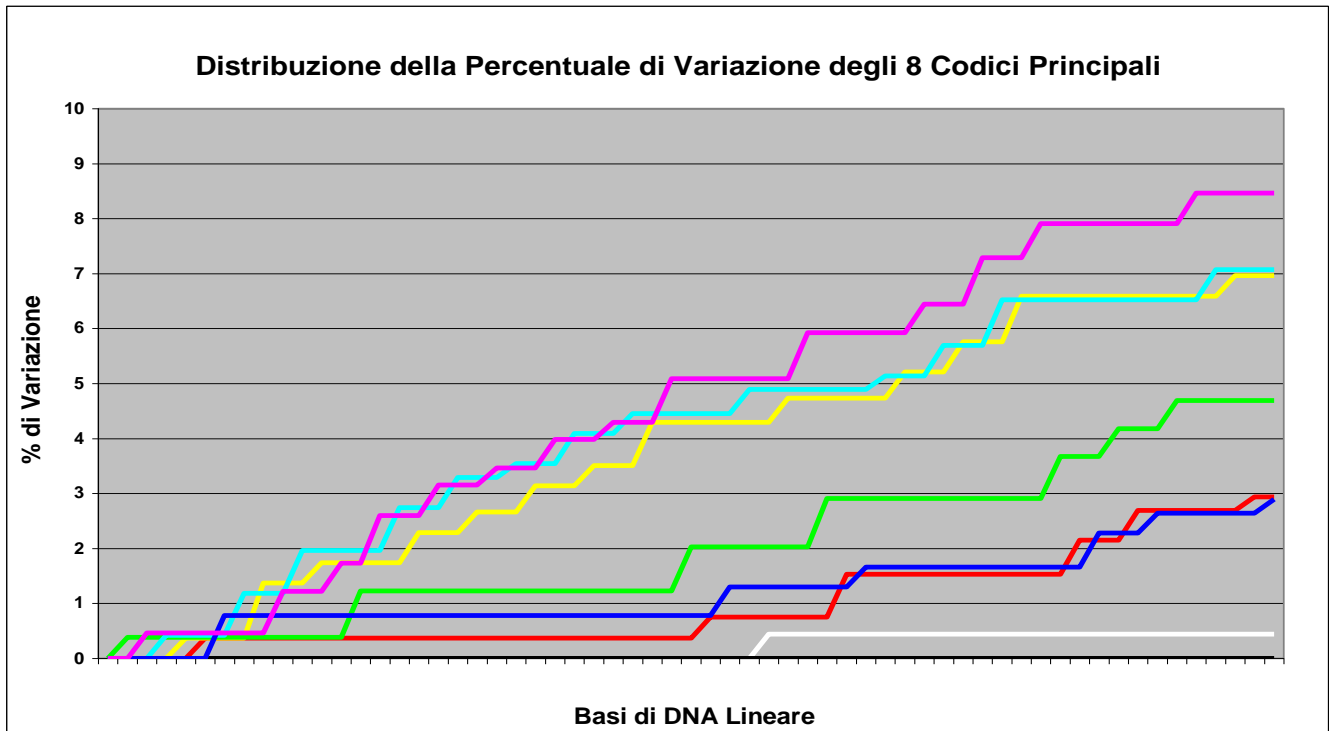
In Fig. 54 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 54 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 54 (A)**

Il grafico in Fig. 54 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.

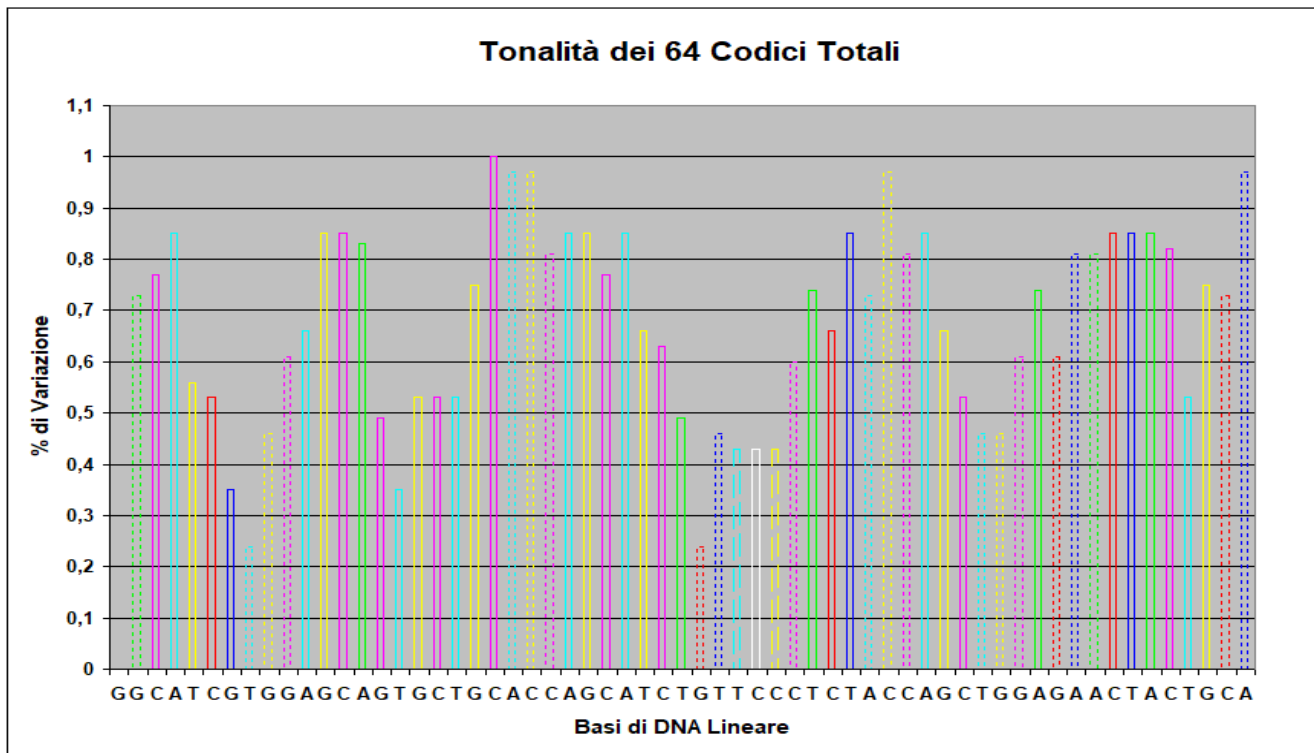


**Fig. 54 (B)**



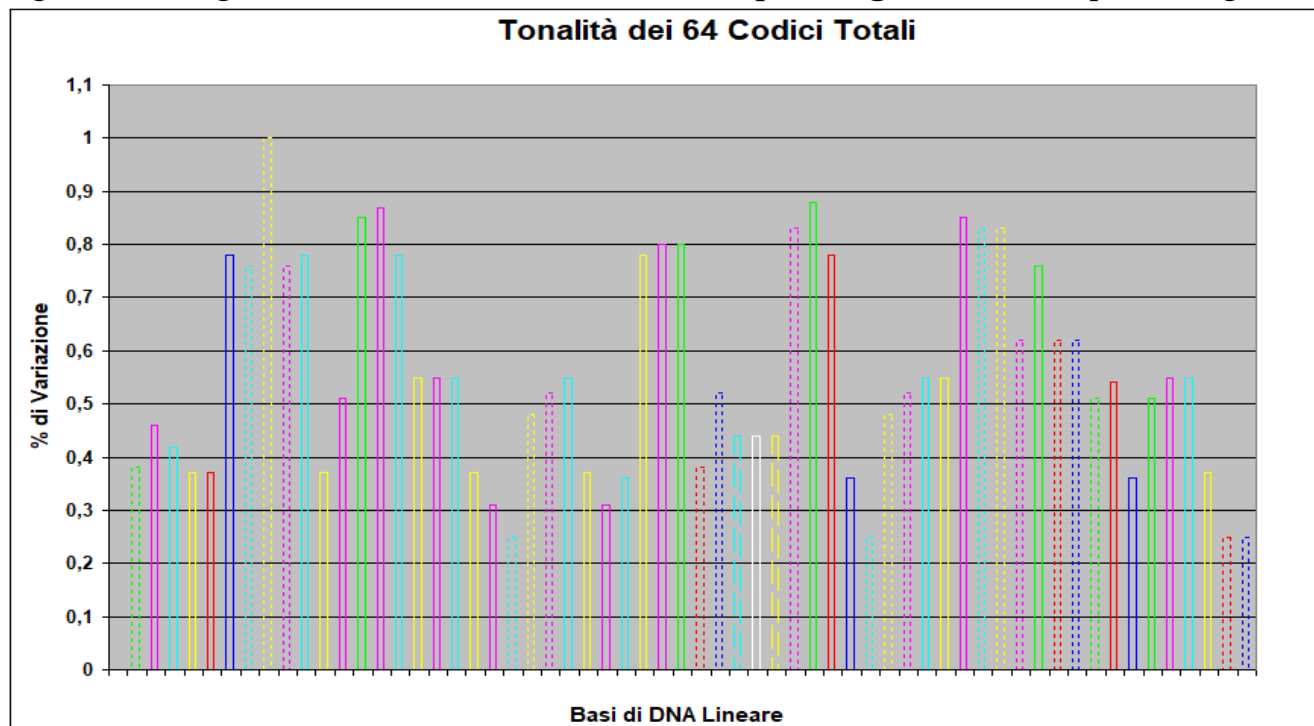
In Fig. 55 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 55 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



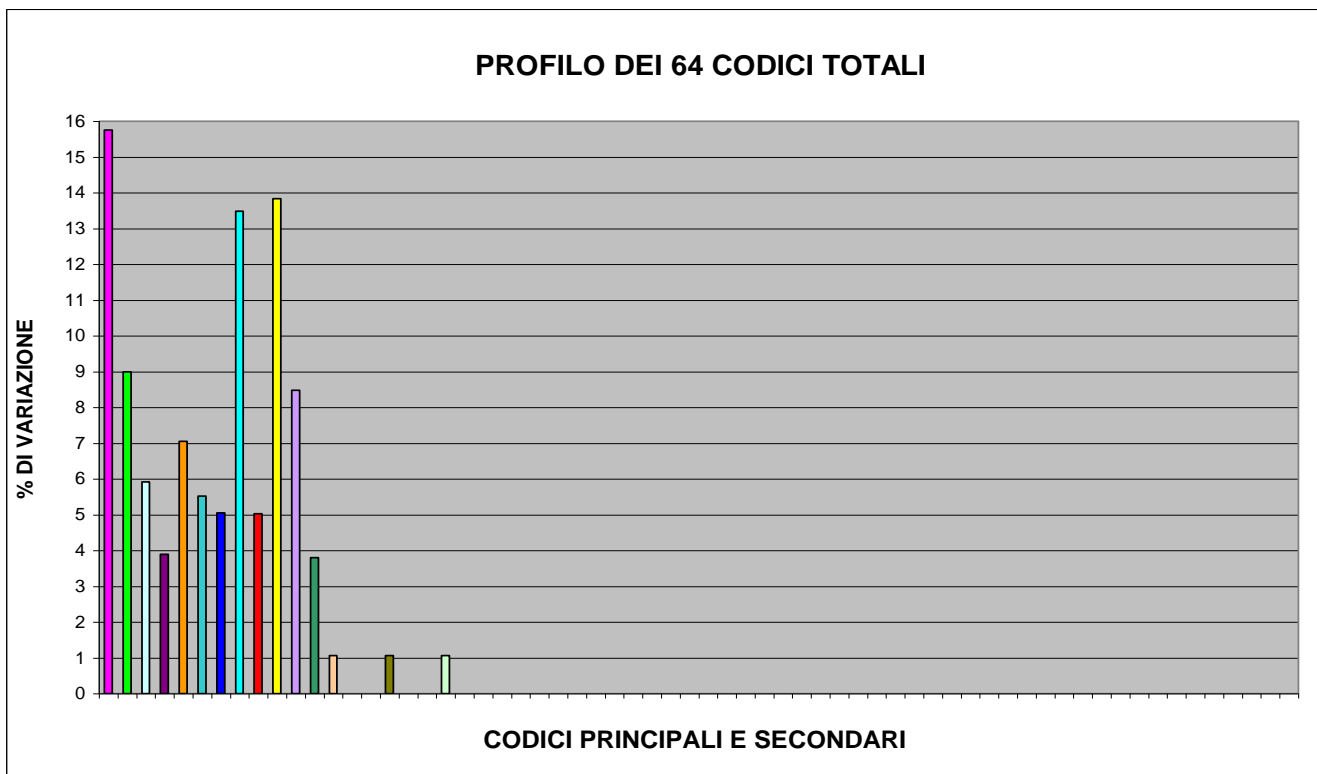
**Fig. 55 (A)**

Il grafico in Fig. 55 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



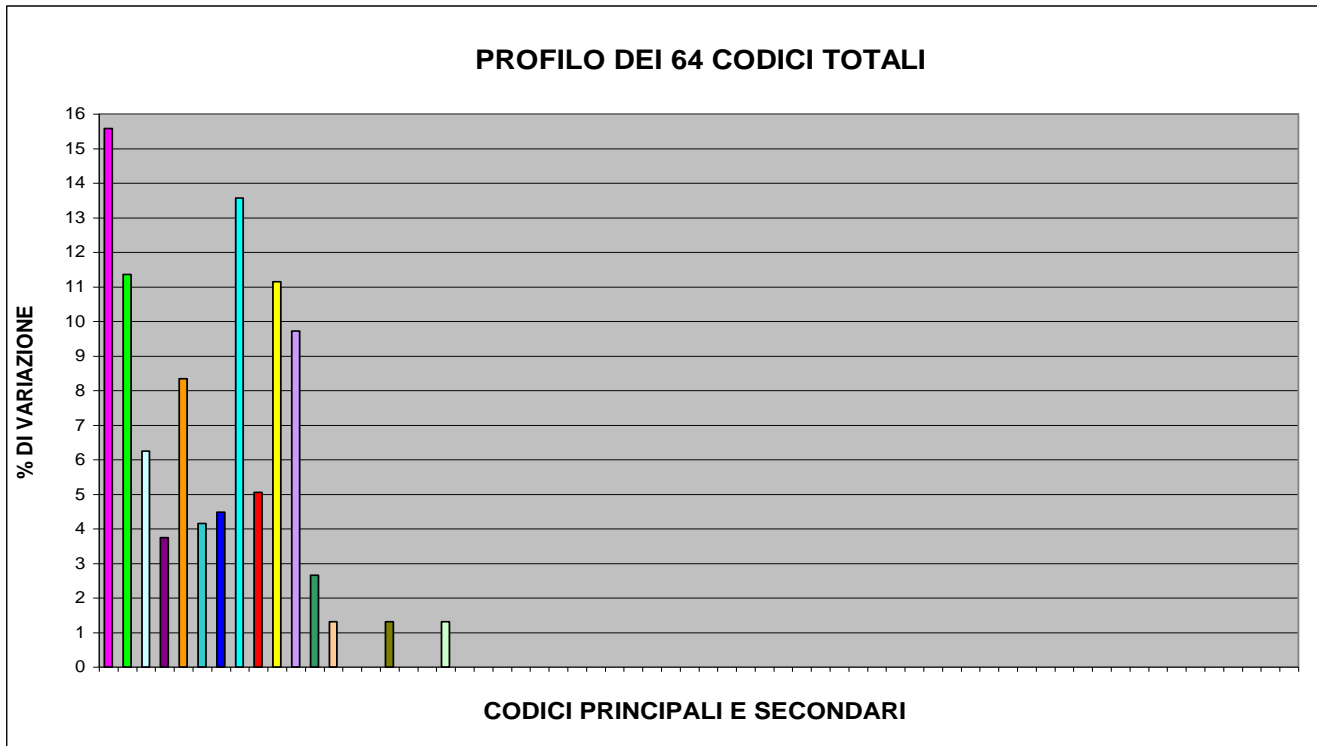
**Fig. 55 (B)**

In Fig. 56 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 56 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 56 (A)**

Il grafico in Fig. 56 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 56 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 14/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 14/1**, SOLTANTO **OTTO BASI** (il **12,70%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

## 1.29 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 14/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 14/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 14/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 14/1)**

**Length = 63**

### Parametri della ricerca BLAST

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 14/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 14/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 14/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 14/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 CP023126.1	Lupinus angustifolius cultivar Tanjil chromosome LG-14	41.0	41.0	53%	2.7	88%	<a href="#">CP023126.1</a>
2 CP032589.1	<b>Lateolabrax maculatus</b> linkage group 15 sequence	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">CP032589.1</a>
3 CP027273.1	<b>Lateolabrax maculatus</b> chromosome Lm12	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">CP027273.1</a>
4 <b>CP011906.1</b>	<b>Ovis canadensis canadensis isolate 43U</b> chromosome 21 sequence	40.1	40.1	39%	9.5	96%	<a href="#">CP011906.1</a>
5 <b>XM_026120534.1</b>	PREDICTED: <b>Dromaius novaehollandiae</b> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026120534.1</a>
6 <b>XM_026048985.1</b>	PREDICTED: <b>Nothoprocta perdicaria</b> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026048985.1</a>
7 XM_022948735.1	PREDICTED: Stylophora pistillata prefoldin subunit 5-like (LOC111341737), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_022948735.1</a>
8 CP023131.1	Lupinus angustifolius cultivar Tanjil chromosome LG-19	39.2	39.2	44%	9.5	93%	<a href="#">CP023131.1</a>
9 XM_012983817.1	PREDICTED: <b>Erythranthe guttatus</b> uncharacterized LOC105959677 (LOC105959677), mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_012983817.1</a>
10 <b>XM_003878010.1</b>	<b>Leishmania mexicana</b> MHOM/GT/2001/U1103 conserved hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_003878010.1</a>
11 <b>CP002903.1</b>	<b>Spirochaeta thermophila</b> DSM 6578, complete genome	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">CP002903.1</a>
12 <b>FR799584.1</b>	<b>Leishmania mexicana</b> MHOM/GT/2001/U1103 complete genome, chromosome 31	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">FR799584.1</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 14/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 14/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
2 Select seq <a href="#">CP032589.1</a>	<a href="#">Lateolabrax maculatus</a> linkage group 15 sequence	Select seq <a href="#">CP032586.1</a> <b>16/1</b> <b>17/1</b>	<a href="#">Lateolabrax maculatus</a> linkage group 12 sequence
3 Select seq <a href="#">CP027273.1</a>	<a href="#">Lateolabrax maculatus</a> chromosome Lm12	Select seq <a href="#">CP027266.1</a> <b>16/1</b> <b>17/1</b>	<a href="#">Lateolabrax maculatus</a> chromosome Lm5
4 Select seq <a href="#">CP011906.1</a> <b>17/1</b>	<a href="#">Ovis canadensis</a> canadensis isolate 43U chromosome 21 sequence	Select seq <a href="#">XM_027959829.1</a> <b>6/1</b> <b>17/1</b>	PREDICTED: <a href="#">Ovis aries</a> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">AH005355.3</a> <b>6/1</b> <b>17/1</b>	<a href="#">Ovis</a> aries insulin and insulin-like growth factor II (IGF-II) genes, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_012167536.2</a> <b>6/1</b> <b>17/1</b>	PREDICTED: <a href="#">Ovis</a> aries musimon insulin (LOC105613195), mRNA
5 Select seq <a href="#">XM_026120534.1</a> <b>9/1</b>	PREDICTED: <a href="#">Dromaius novaehollandiae</a> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	Select seq <a href="#">XM_026092712.1</a> <b>9/1</b>	PREDICTED: <a href="#">Dromaius novaehollandiae</a> insulin (INS), mRNA
6 Select seq <a href="#">XM_026048985.1</a> <b>9/1</b>	PREDICTED: <a href="#">Nothoprocta perdicaria</a> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	Select seq <a href="#">XM_026036815.1</a> <b>9/1</b>	PREDICTED: <a href="#">Nothoprocta perdicaria</a> insulin (INS), mRNA

**Analisi della  
Sequenza n° 15/1 della  
Catena A dell'Insulina**

### 1.30 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 15/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 57 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 57 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

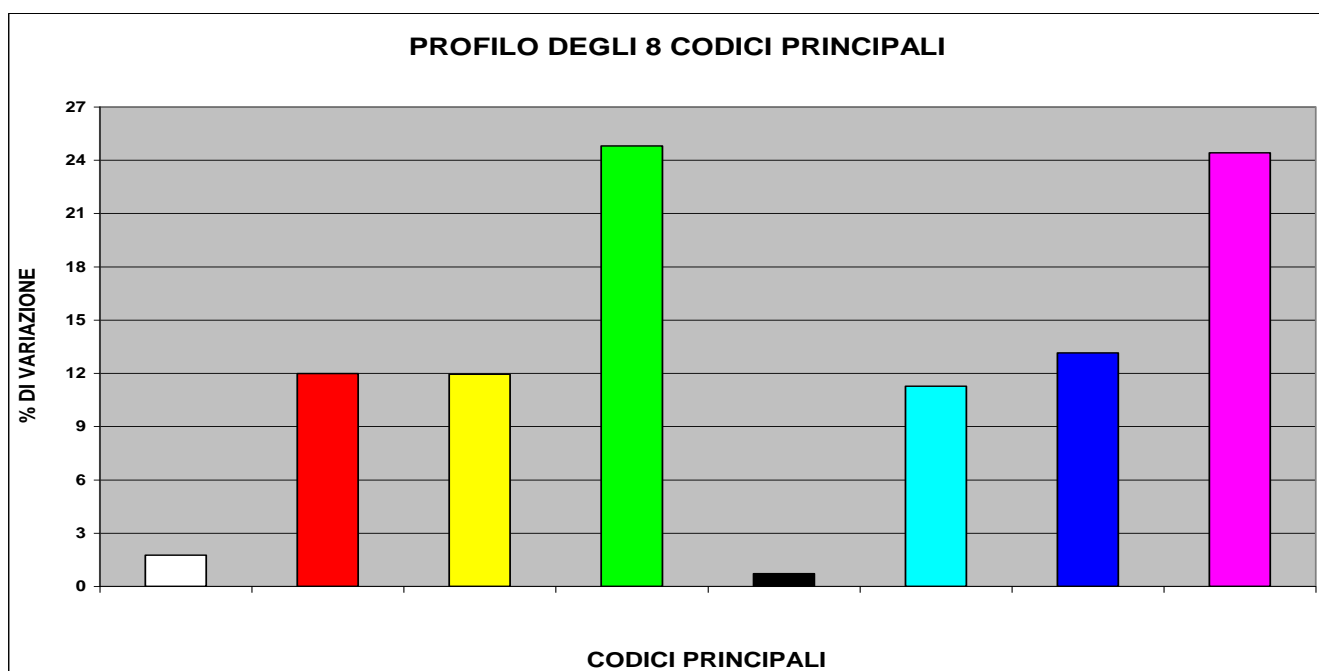


Fig. 57 (A)

Il grafico in Fig. 57 (B) si riferisce alla **quindicesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 15/1**) da quella originaria.

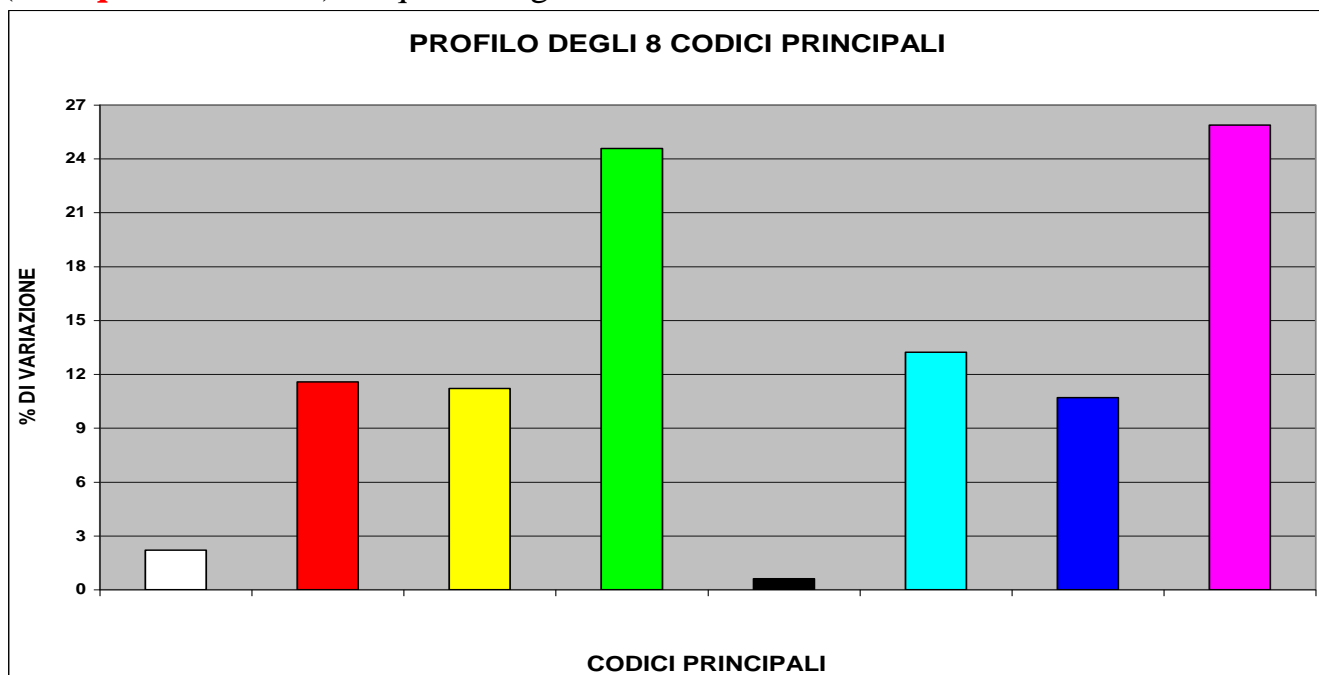
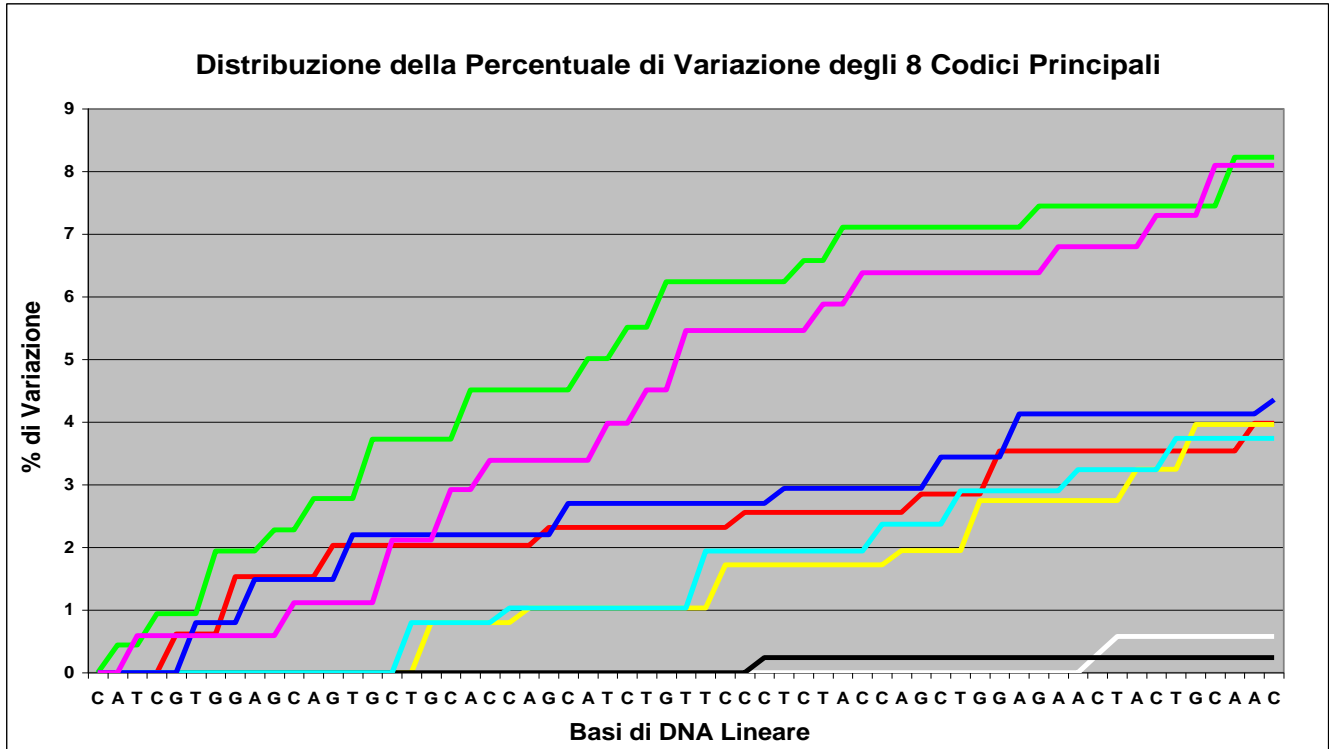


Fig. 57 (B)



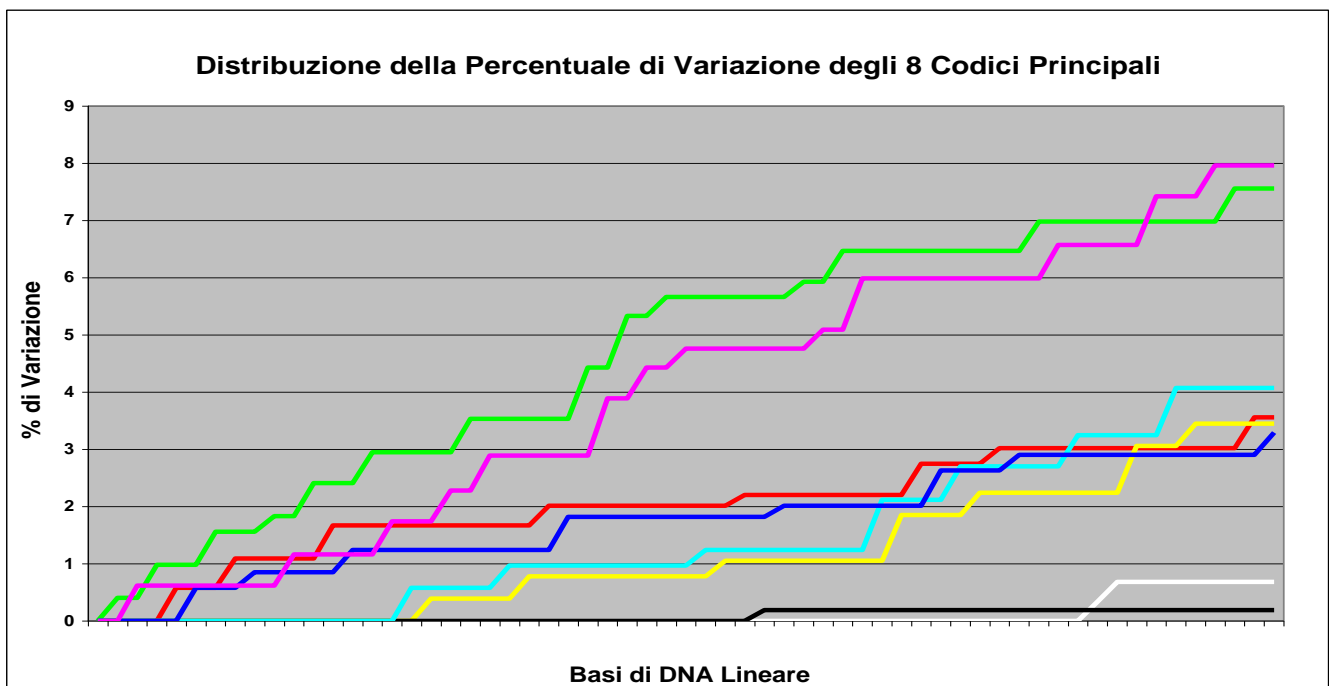
In Fig. 58 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 58 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 58 (A)**

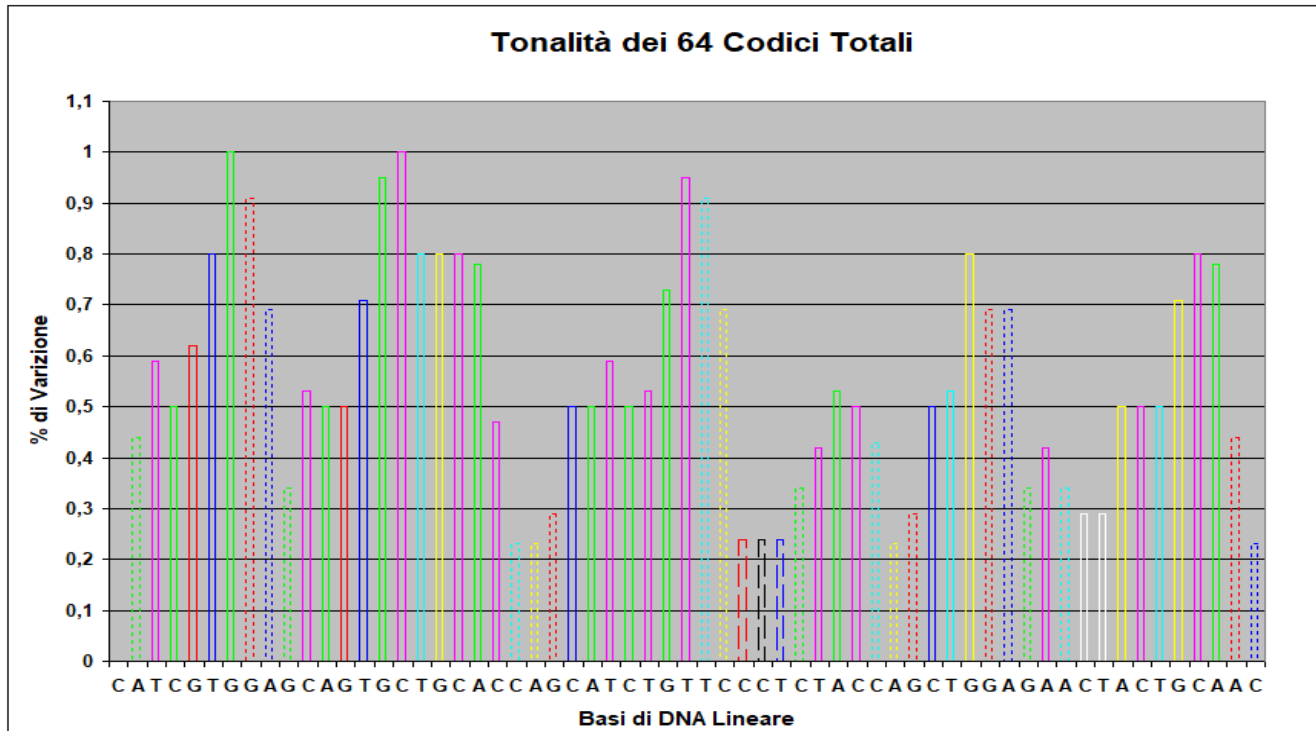
Il grafico in Fig. 58 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 58 (B)**

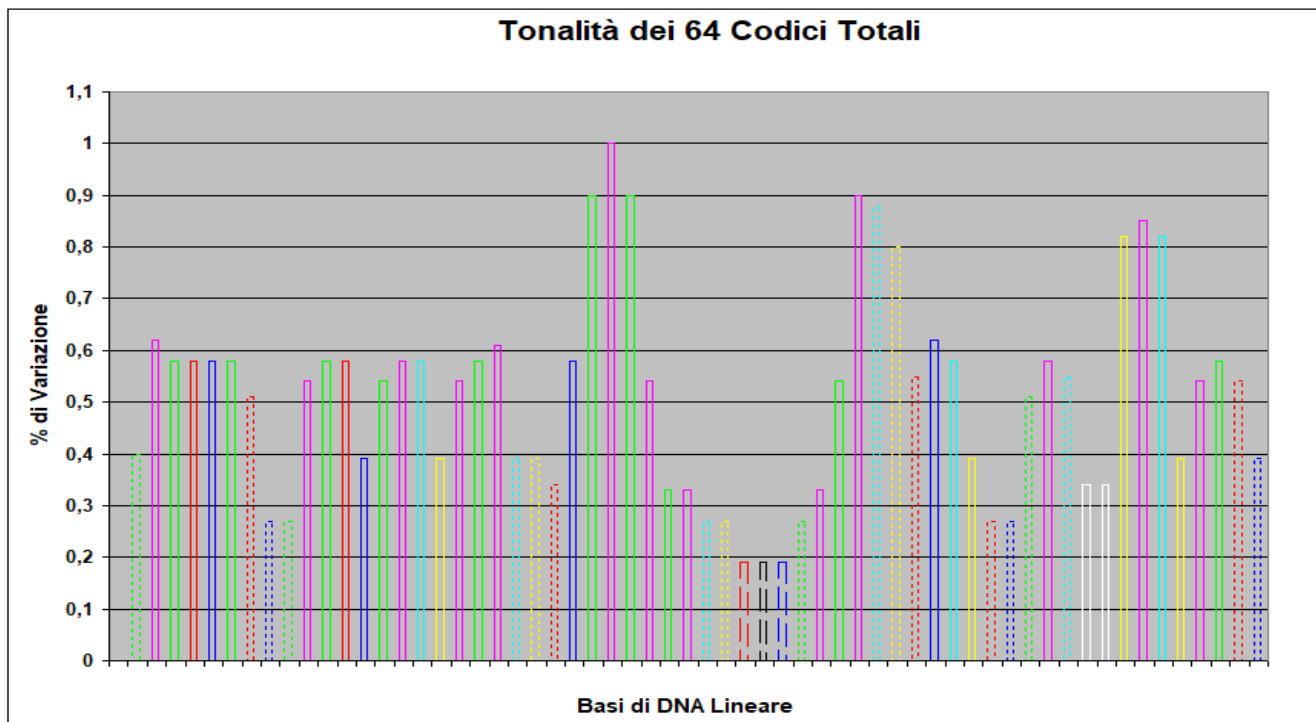
In Fig. 59 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 59 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 59 (A)**

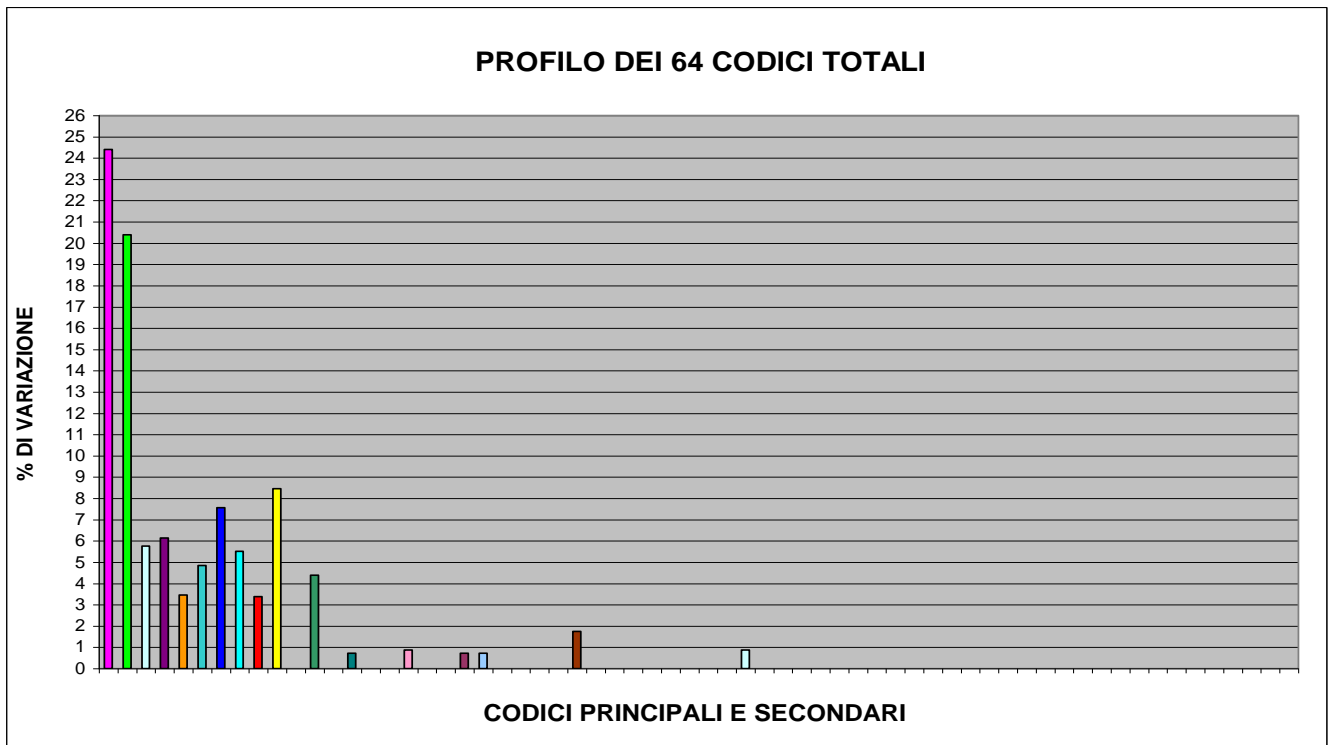
Il grafico in Fig. 59 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 59 (B)**

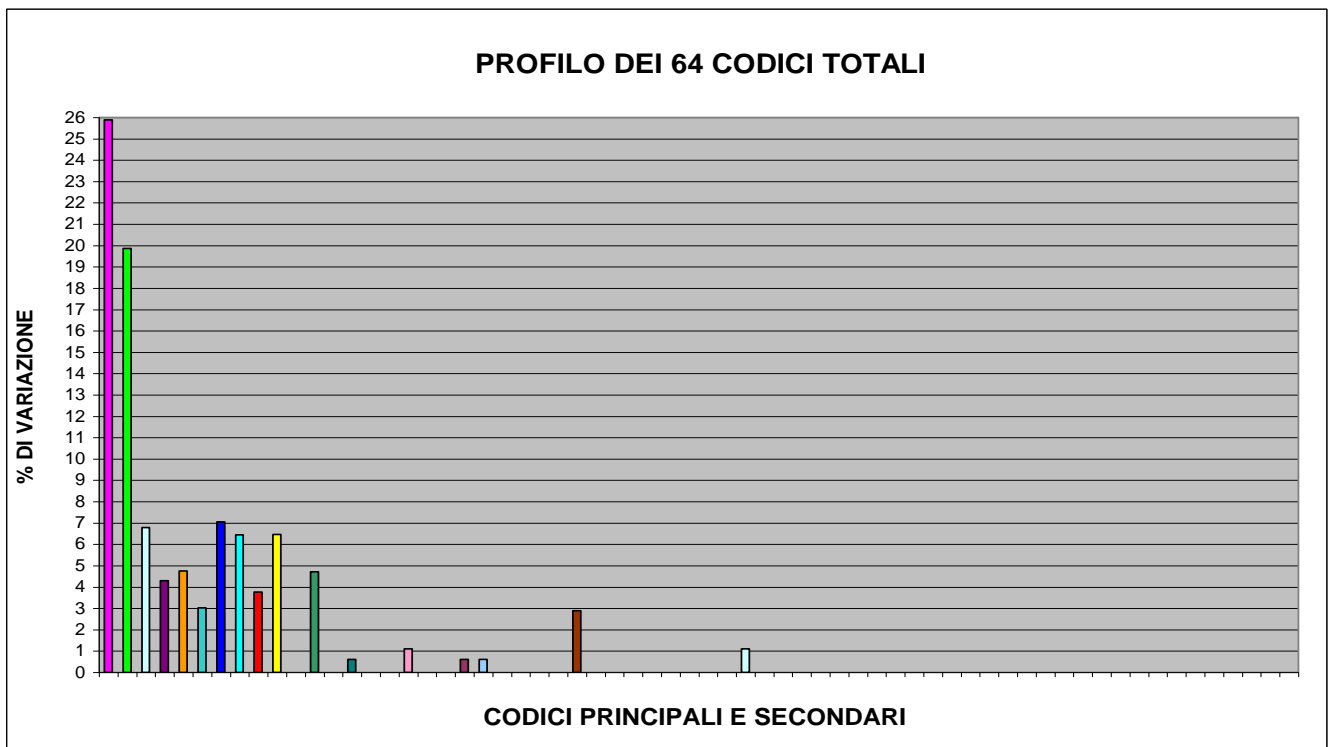
In Fig. 60 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 60 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 60 (A)**

Il grafico in Fig. 60 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 60 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 15/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 15/1**, SOLTANTO **DIECI BASI** (il **15,87%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

### 1.31 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 15/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 15/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

#### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 15/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 15/1)**

**Length = 63**

#### **Parametri della ricerca BLAST**

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

#### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 15/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 15/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 15/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 15/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_020585373.1	PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> myoneurin-like (LOC109951089), mRNA	41.9	41.9	50%	2.7	91%	<a href="#">XM_020585373.1</a>
2 MK500381.1	Marseillevirus LCMAC202 genomic sequence	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">MK500381.1</a>
3 LS483476.1	<b>Bacillus</b> lentus strain NCTC4824 genome assembly, chromosome: 1	41.0	41.0	34%	2.7	100%	<a href="#">LS483476.1</a>
4 XM_022531200.1	<b>Aspergillus</b> bombycis hypothetical protein (ABOM_004070), partial mRNA	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">XM_022531200.1</a>
5 FN545254.1	Arsenophonus nasoniae whole genome shotgun assembly, contig scaffold01140	41.0	41.0	58%	2.7	84%	<a href="#">FN545254.1</a>
6 XM_001319644.1	Trichomonas vaginalis G3 hypothetical protein (TVAG_499420) partial mRNA	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">XM_001319644.1</a>
7 <b>LR132049.1</b>	<b>Anabas testudineus</b> genome assembly, chromosome: 19	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">LR132049.1</a>
8 CP003616.1	Oscillatoria nigro-viridis PCC 7112 plasmid pOSC7112.02, complete sequence	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">CP003616.1</a>
9 FO082057.1	Pichia sorbitophila strain CBS 7064 chromosome C complete sequence	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">FO082057.1</a>
10 XM_026987438.1	PREDICTED: <b>Drosophila</b> persimilis serine-rich adhesin for platelets (LOC6593495), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	92%	9.5	76%	<a href="#">XM_026987438.1</a>
11 CP022854.1	Parastagonospora nodorum isolate Sn79-1087 chromosome 4, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP022854.1</a>
12 CP022832.1	Parastagonospora nodorum isolate Sn2000 chromosome 4 sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP022832.1</a>
13 CP022802.1	Parastagonospora nodorum isolate LDN03-Sn4 chromosome 4, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP022802.1</a>
14 NG_051023.1	<b>Homo sapiens</b> LDL receptor related protein 1B (LRP1B), RefSeqGene on chromosome 2	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">NG_051023.1</a>
15 XM_017299325.1	PREDICTED: <b>Drosophila</b> miranda serine-rich adhesin for platelets (LOC108163827), transcript variant X10, mRNA	39.2	39.2	92%	9.5	76%	<a href="#">XM_017299325.1</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
16 XM_017299320.1	<b>PREDICTED: Drosophila</b> miranda serine-rich adhesin for platelets (LOC108163827), transcript variant X5, mRNA	39.2	39.2	92%	9.5	76%	<a href="#">XM_017299320.1</a>
17 XM_001355767.3	<b>Drosophila</b> pseudoobscura pseudoobscura uncharacterized protein (Dpse\GA21824), mRNA	39.2	39.2	92%	9.5	76%	<a href="#">XM_001355767.3</a>
18 AC073319.4	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-279M2 from 2, complete sequence	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">AC073319.4</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 15/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 15/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
1 Select seq <a href="#">XM_020585373.1</a>	PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> myoneurin-like (LOC109951089), mRNA	Select seq <a href="#">XM_020615193.1</a> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">XM_020599783.1</a> <b>17/1</b>  Select seq <a href="#">XM_020591214.1</a> <b>17/1</b>	PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin (LOC109968712), mRNA  PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin-like (LOC109959979), mRNA  PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin-like (LOC109955249), mRNA
7 Select seq <a href="#">LR132049.1</a>	<b>Anabas testudineus</b> genome assembly, chromosome: 19	Select seq <a href="#">LR132049.1</a>  Select seq <a href="#">LR132037.1</a>  Select seq <a href="#">XM_026357607.1</a>  Select seq <a href="#">XM_026357435.1</a>  Select seq <a href="#">XM_026351068.1</a>  Select seq <a href="#">XM_026351067.1</a>  Select seq <a href="#">XM_026351066.1</a>	<b>Anabas testudineus</b> genome assembly, chromosome: 19  <b>Anabas testudineus</b> genome assembly, chromosome: 10  PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> insulin (LOC113160385), mRNA  PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> insulin-like (LOC113160265), mRNA  PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113156131), transcript variant X3, mRNA  PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113156131), transcript variant X2, mRNA  PREDICTED: <b>Anabas testudineus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113156131), transcript variant X1, mRNA
14 Select seq <a href="#">NG_051023.1</a>	<b>Homo sapiens</b> LDL receptor related protein 1B (LRP1B), RefSeqGene on chromosome 2	Select seq <a href="#">AH002844.2</a> <b>2/1 8/1 9/1 10/1</b> <b>17/1</b>	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) gene, complete cds



**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 15/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 15/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
18 Select seq <a href="#">AC073319.4</a>	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-279M2 from 2, complete sequence	Select seq <a href="#">AH012037.2</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; insulin (INS) gene, complete cds; and insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, partial sequence
		Select seq <a href="#">NG_050578.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11
		Select seq <a href="#">KR710184.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010257 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">KR710183.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010256 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">KR710182.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010255 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">KJ891480.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone ccsbBroadEn_00874 INS gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_001291897.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 4, mRNA
		Select seq <a href="#">JQ951950.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> preproinsulin (INS) mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">JF909299.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">AB587580.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct DNA, clone: pF1KB8864, <b>Homo sapiens</b> INS gene for insulin, without stop codon, in Flexi system

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 15/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 15/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">NM_001185098.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185097.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">NG_007114.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11
		Select seq <a href="#">DQ778082.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> clone BFC06103 insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">DQ896283.2</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone IMAGE:100010743; FLH192918.01L; RZPDo839A1068D insulin (INS) gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_000207.2</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">BT007778.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">BT006808.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">BC005255.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:12292 IMAGE:3950204), complete cds
		Select seq <a href="#">AC132217.15</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-889I17, complete sequence

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 15/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 15/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AC130303.8</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899304.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AJ009655.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> ins gene, partial
		Select seq <a href="#">X70508.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> mRNA for insulinoma pre-proinsulin
		Select seq <a href="#">L15440.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complete cds; insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, 5' end
		Select seq <a href="#">KR710185.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010262 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">AF050524.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	Synthetic <b>Homo sapiens</b> proinsulin-like protein BKRA gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC021233.9</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-215H22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AK024581.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 17/1	<b>Homo sapiens</b> cDNA: FLJ20928 fis, clone ADSE01074

**Analisi della  
Sequenza n° 16/1 della  
Catena A dell'Insulina**

### 1.32 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 16/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 61 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 61 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

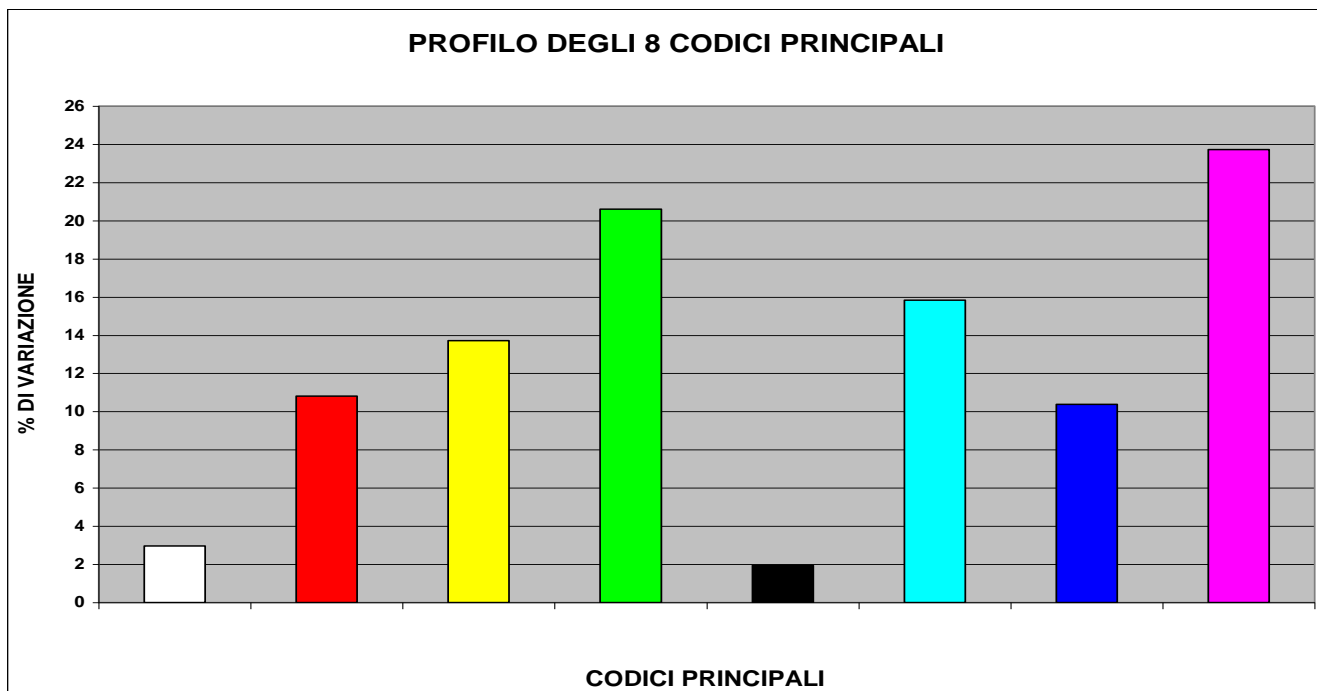


Fig. 61 (A)

Il grafico in Fig. 61 (B) si riferisce alla **sedicesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 16/1**) da quella originaria.

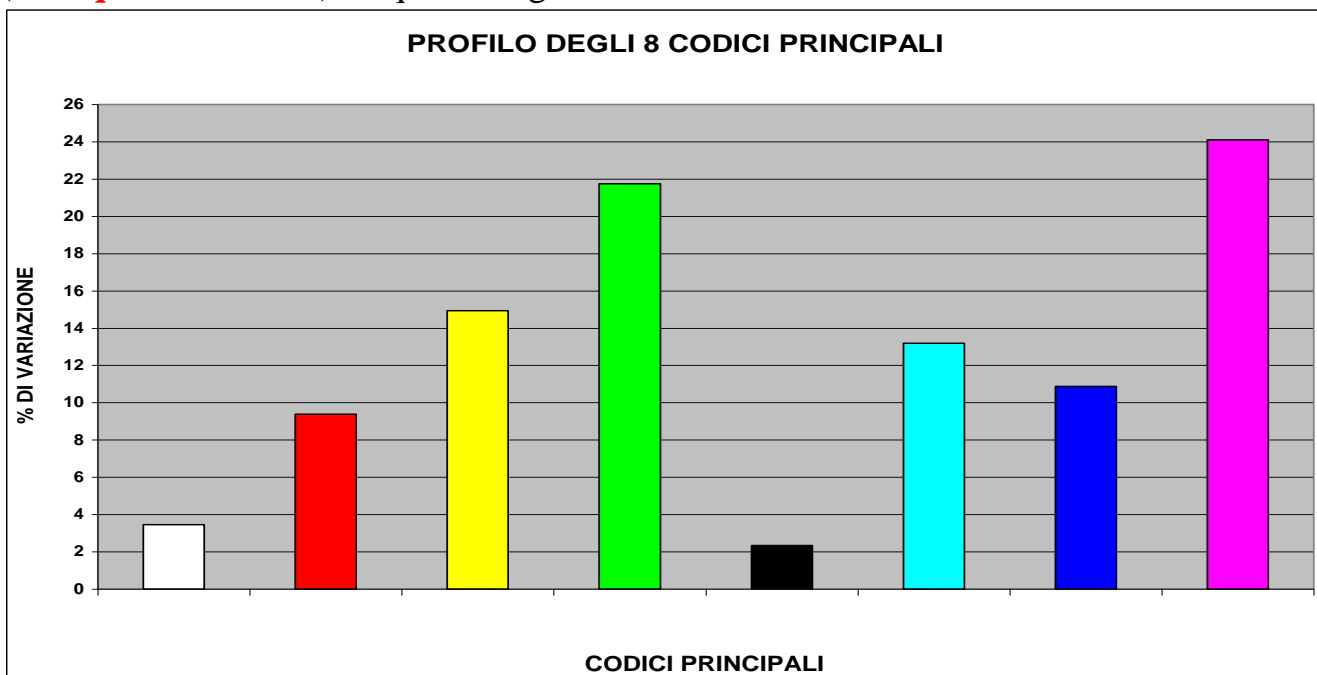
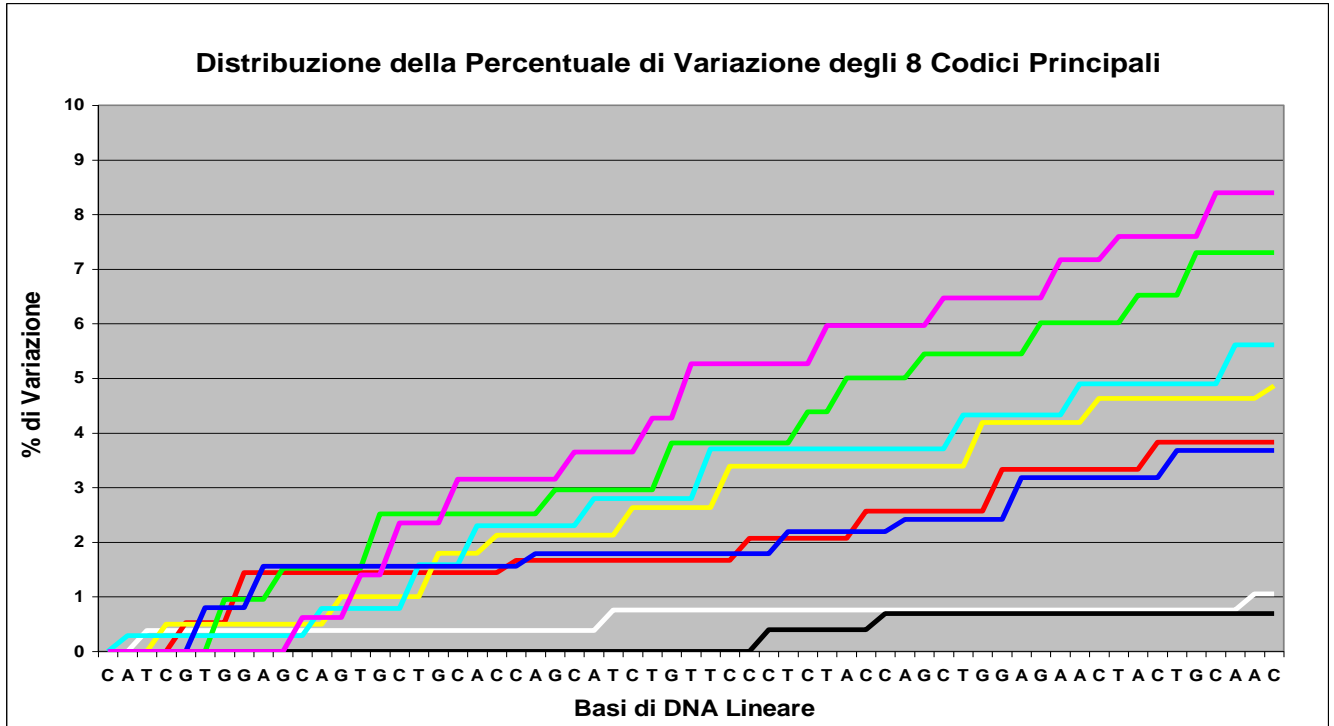


Fig. 61 (B)

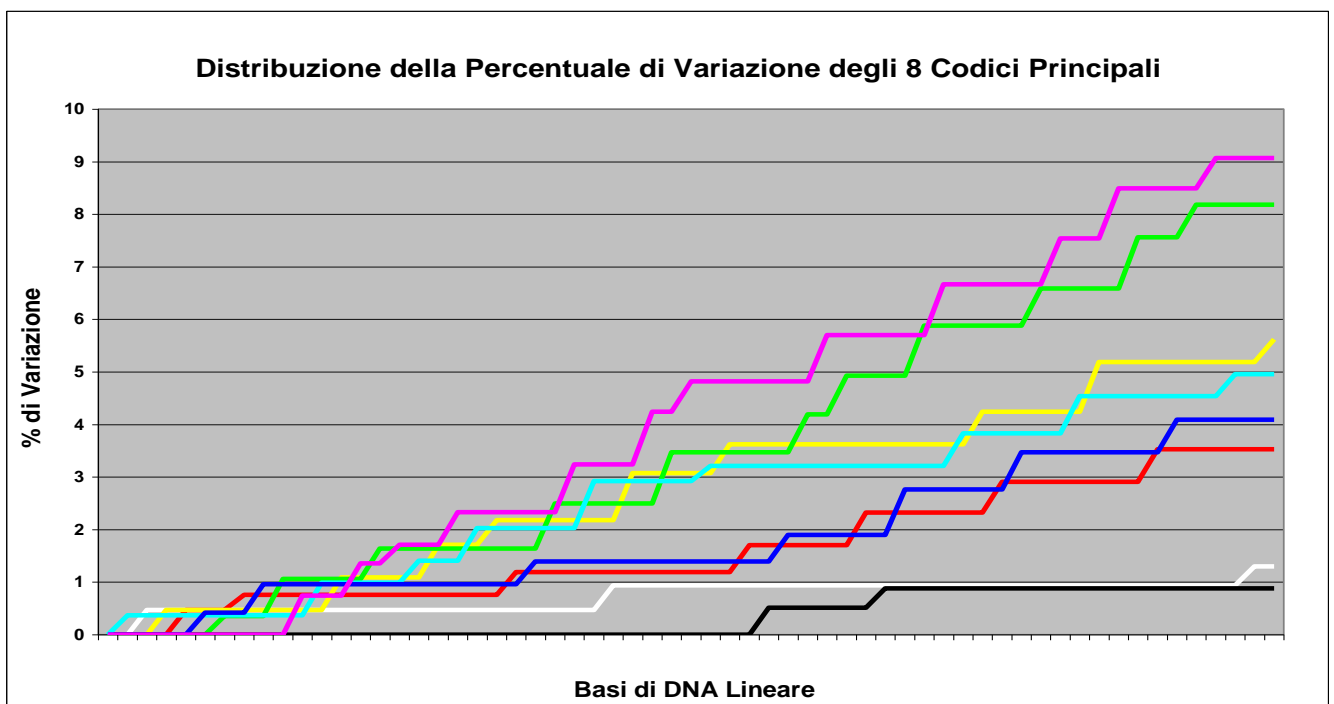
In Fig. 62 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 62 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 62 (A)**

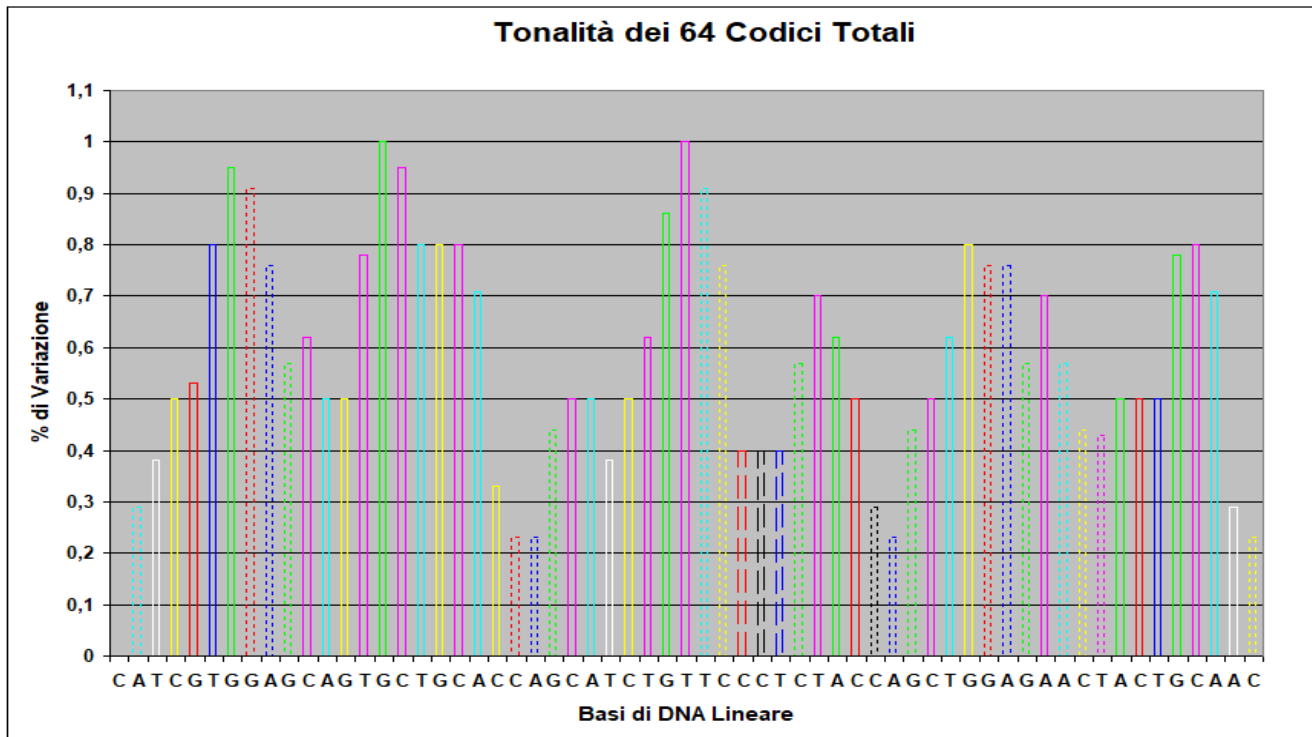
Il grafico in Fig. 62 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 62 (B)**

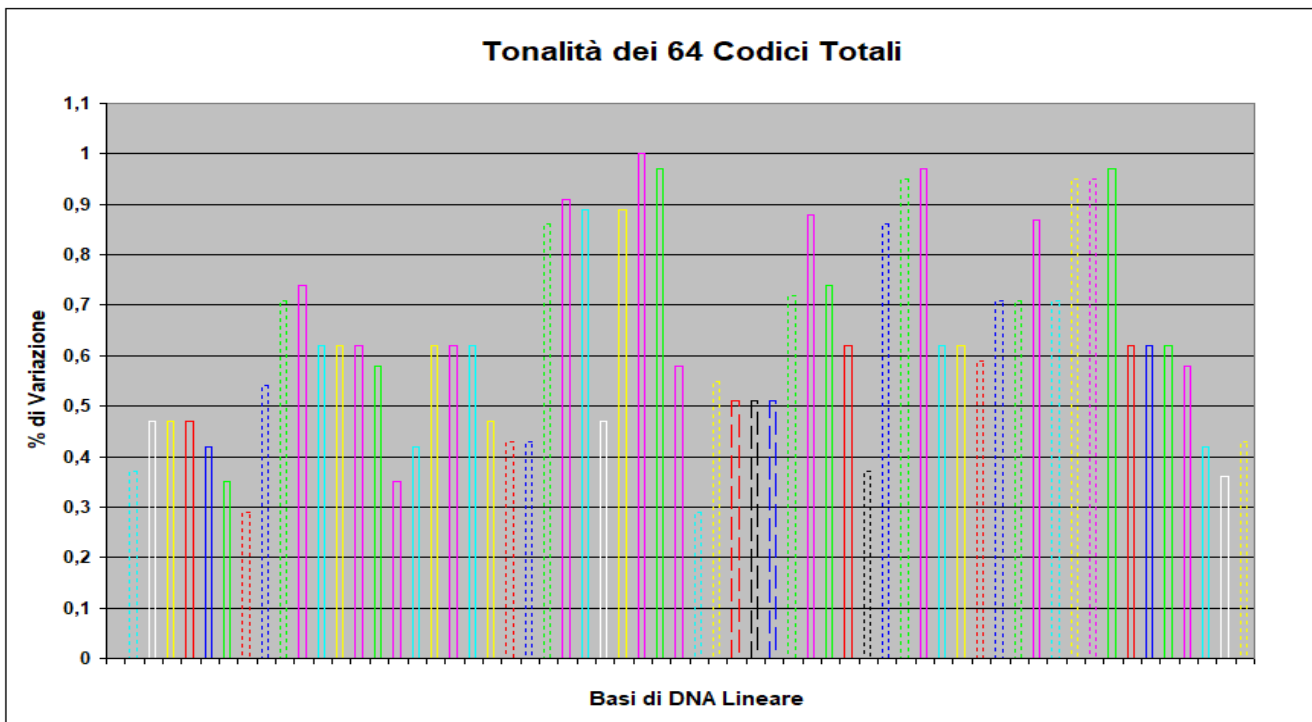
In Fig. 63 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 63 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 63 (A)**

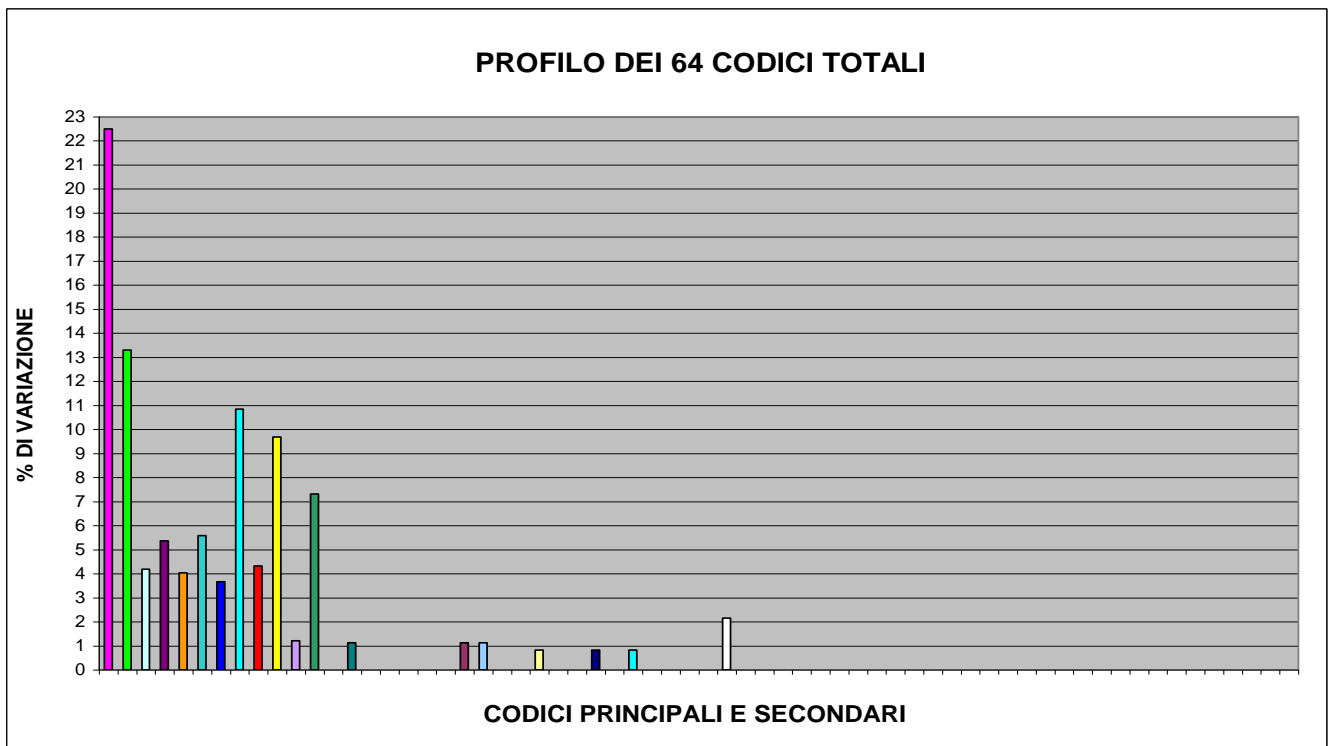
Il grafico in Fig. 63 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 63 (B)**

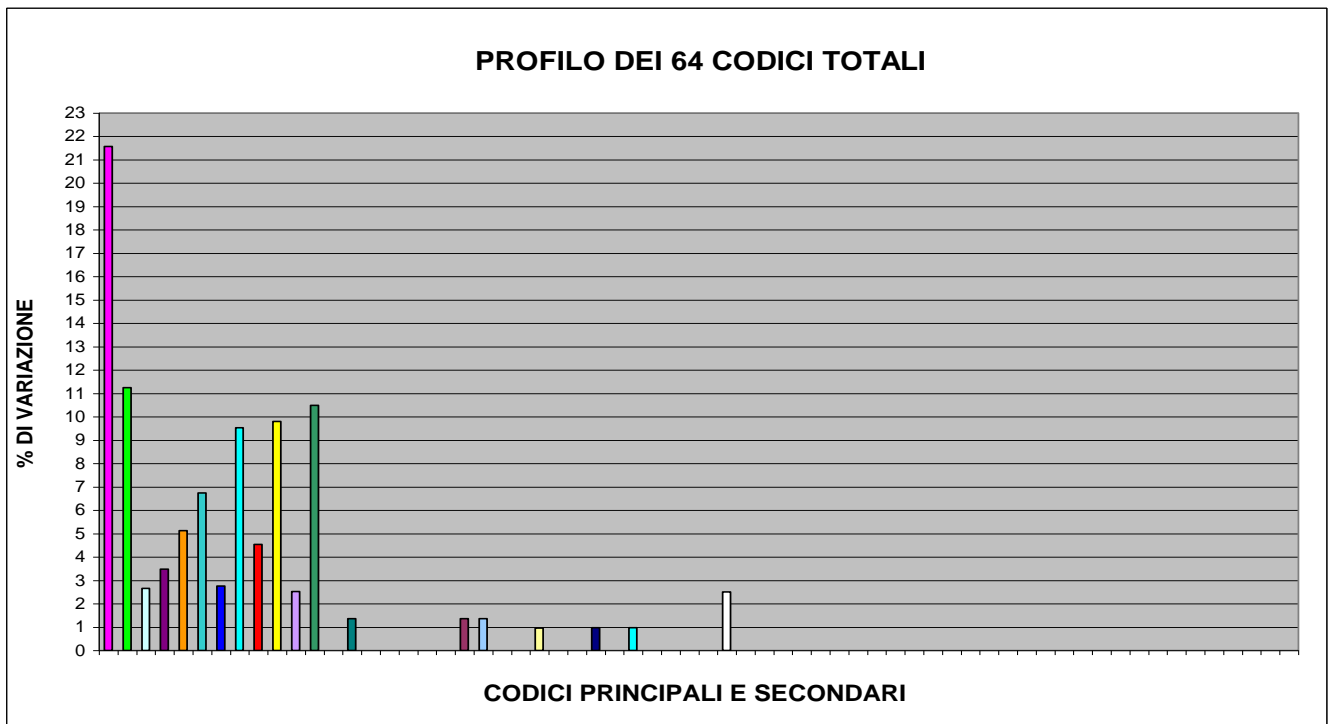
In Fig. 64 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 64 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 64 (A)**

Il grafico in Fig. 64 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 64 (B)**



Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 16/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 16/1**, SOLTANTO **UNDICI BASI** (il **17,46%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

### 1.33 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 16/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 16/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

#### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 16/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 16/1)**

**Length = 63**

#### **Parametri della ricerca BLAST**

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

#### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 16/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 16/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 16/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 16/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_024211392.1	PREDICTED: <b>Terrapene mexicana triunguis</b> NRAS proto-oncogene, GTPase (NRAS), transcript variant X2, mRNA	43.7	43.7	49%	0.77	90%	<a href="#">XM_024211392.1</a>
2 XM_024108278.1	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> NRAS proto-oncogene, GTPase (NRAS), transcript variant X2, mRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XM_024108278.1</a>
3 XM_005294927.2	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> NRAS proto-oncogene, GTPase (NRAS), transcript variant X1, mRNA	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">XM_005294927.2</a>
4 LR131938.1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 8	41.0	41.0	58%	2.7	84%	<a href="#">LR131938.1</a>
5 CP029464.1	<b>Bacillus</b> pumilus strain ZB201701 chromosome, complete genome	41.0	41.0	46%	2.7	93%	<a href="#">CP029464.1</a>
6 CP016784.1	<b>Bacillus</b> pumilus strain PDSLzg-1, complete genome	41.0	41.0	46%	2.7	93%	<a href="#">CP016784.1</a>
7 XM_023472453.1	PREDICTED: Eurytemora affinis zinc finger protein 236-like (LOC111701258), mRNA	40.1	40.1	38%	9.4	96%	<a href="#">XM_023472453.1</a>
8 LR134089.1	Staphylococcus saprophyticus subsp. saprophyticus strain NCTC7666 genome assembly, chromosome: 1	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">LR134089.1</a>
9 CP032604.1	<b>Lateolabrax maculatus</b> linkage group 7 sequence	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">CP032604.1</a>
10 CP027281.1	<b>Lateolabrax maculatus</b> chromosome Lm20	39.2	39.2	41%	9.4	92%	<a href="#">CP027281.1</a>
11 LT963439.1	Staphylococcus xylosus isolate Staphylococcus xylosus ATCC 29971 genome assembly, chromosome: I	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">LT963439.1</a>
12 LT963436.1	Staphylococcus saprophyticus isolate Staphylococcus saprophyticus 883 genome assembly, chromosome: I	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">LT963436.1</a>
13 CP022093.2	Staphylococcus saprophyticus strain FDAARGOS_355 chromosome, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">CP022093.2</a>
14 CP022056.2	Staphylococcus saprophyticus strain FDAARGOS_336 chromosome, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">CP022056.2</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
15 CP014113.2	Staphylococcus saprophyticus strain FDAARGOS_168 chromosome, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">CP014113.2</a>
16 CP014057.2	Staphylococcus saprophyticus strain FDAARGOS_137, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">CP014057.2</a>
17 CP013922.1	Staphylococcus xylosus strain S170, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">CP013922.1</a>
18 CP017786.1	<b>15/1</b> <b>Bacillus</b> xiamenensis strain VV3, complete genome	39.2	39.2	52%	9.4	88%	<a href="#">CP017786.1</a>
19 LN554884.1	Staphylococcus xylosus genome assembly Staphylococcus xylosus C2a, chromosome : Chr1	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">LN554884.1</a>
20 CP008724.1	Staphylococcus xylosus strain SMQ-121, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">CP008724.1</a>
21 CP007208.1	Staphylococcus xylosus strain HKUOPL8, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">CP007208.1</a>
22 CP003949.1	Rhodococcus opacus PD630, complete genome	39.2	39.2	57%	9.4	83%	<a href="#">CP003949.1</a>
23 EF456668.1	Staphylococcus xylosus DSM20267 C2a ATPase AAA family protein gene, complete cds	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">EF456668.1</a>
24 XM_001437053.1	Paramecium tetraurelia hypothetical protein (GSPATT00038135001) partial mRNA	39.2	39.2	49%	9.4	87%	<a href="#">XM_001437053.1</a>
25 AP008934.1	Staphylococcus saprophyticus subsp. saprophyticus ATCC 15305 DNA, complete genome	39.2	39.2	33%	9.4	100%	<a href="#">AP008934.1</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 16/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 16/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
1 Select seq <a href="#">XM_024211392.1</a>	PREDICTED: <b>Terrapene mexicana triunguis</b> NRAS proto-oncogene, GTPase (NRAS), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_024208870.1</a>	PREDICTED: <b>Terrapene mexicana triunguis</b> insulin (INS), mRNA
2 Select seq <a href="#">XM_024108278.1</a>	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> NRAS proto-oncogene, GTPase (NRAS), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_024102171.1</a>	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
3 Select seq <a href="#">XM_005294927.2</a>	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> NRAS proto-oncogene, GTPase (NRAS), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">XM_005312381.2</a>	PREDICTED: <b>Chrysemys picta bellii</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
4 Select seq <a href="#">LR131938.1</a>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 8	Select seq <a href="#">LR131921.1</a> 4/1 6/1 7/1 18/1 19/1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">LR131917.1</a> 4/1 6/1 7/1 18/1 19/1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 10
9 Select seq <a href="#">CP032604.1</a>	<b>Lateolabrax maculatus</b> linkage group 7 sequence	Select seq <a href="#">CP032586.1</a> 14/1 17/1	<b>Lateolabrax maculatus</b> linkage group 12 sequence
10 Select seq <a href="#">CP027281.1</a>	<b>Lateolabrax maculatus</b> chromosome Lm20	Select seq <a href="#">CP027266.1</a> 14/1 17/1	<b>Lateolabrax maculatus</b> chromosome Lm5

**Analisi della  
Sequenza n° 17/1 della  
Catena A dell'Insulina**

### 1.34 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 17/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 65 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 65 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

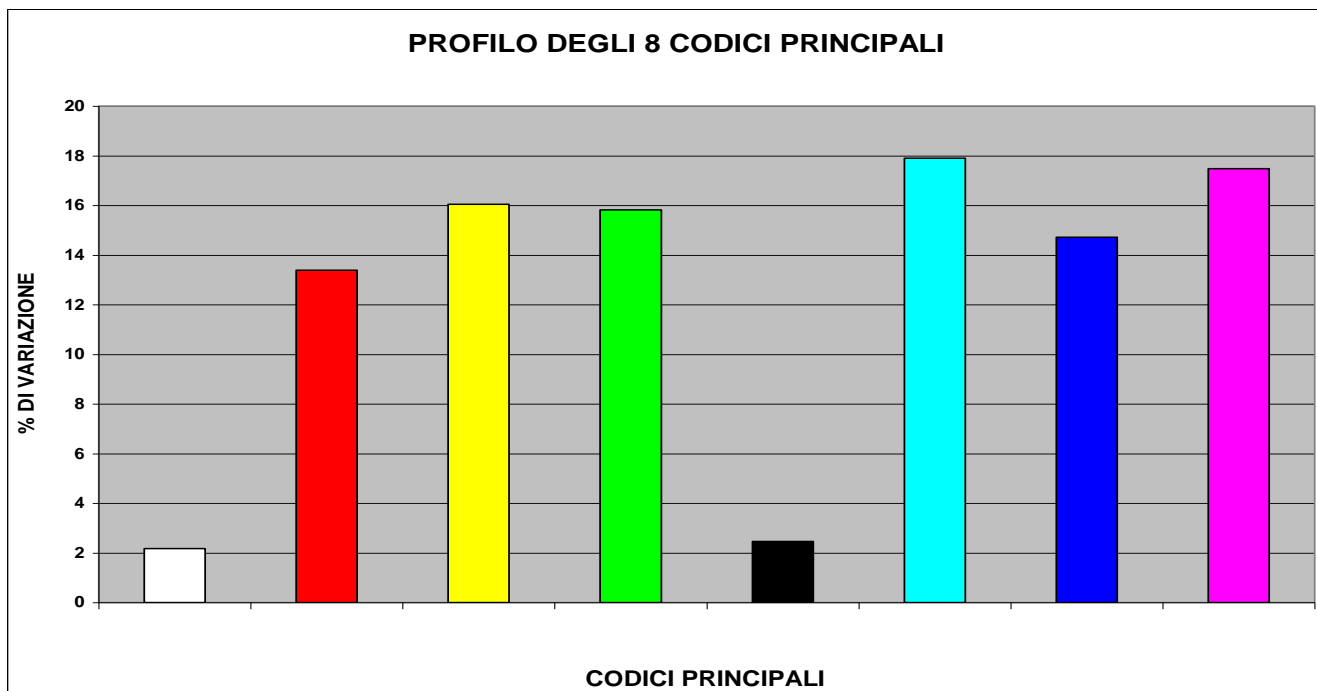


Fig. 65 (A)

Il grafico in Fig. 65 (B) si riferisce alla **diciassettesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 17/1**) da quella originaria.

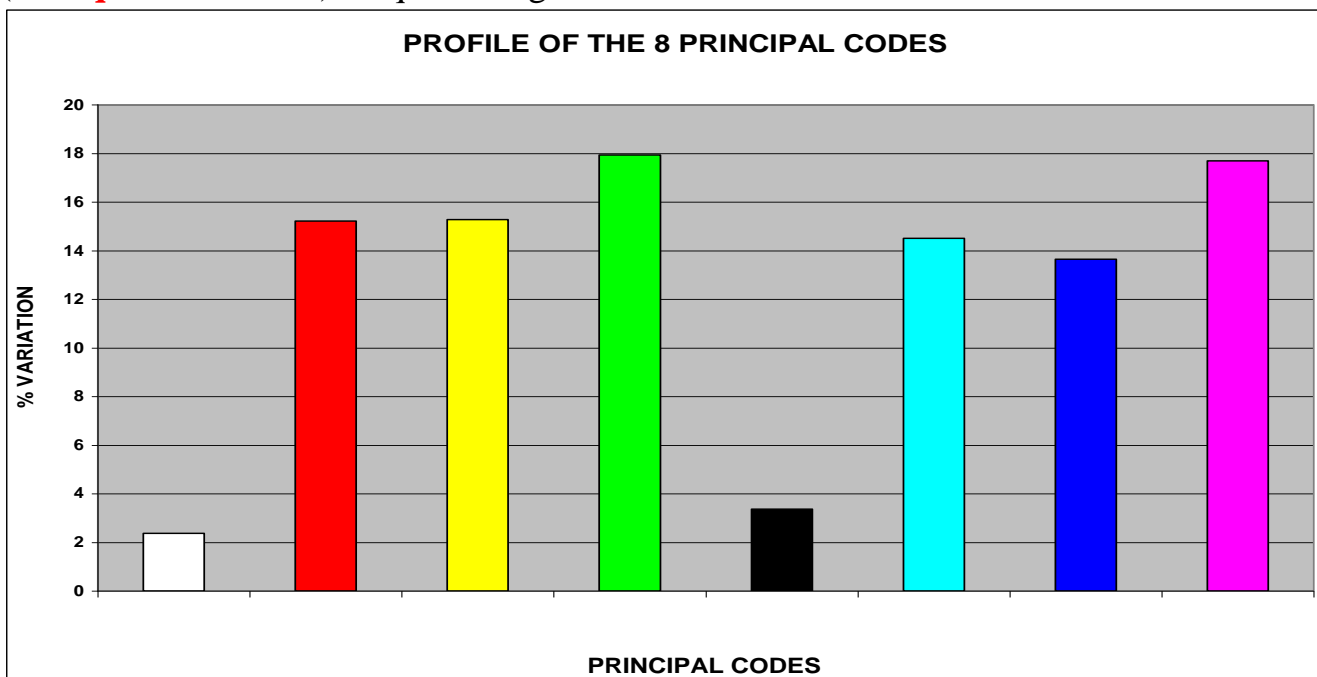
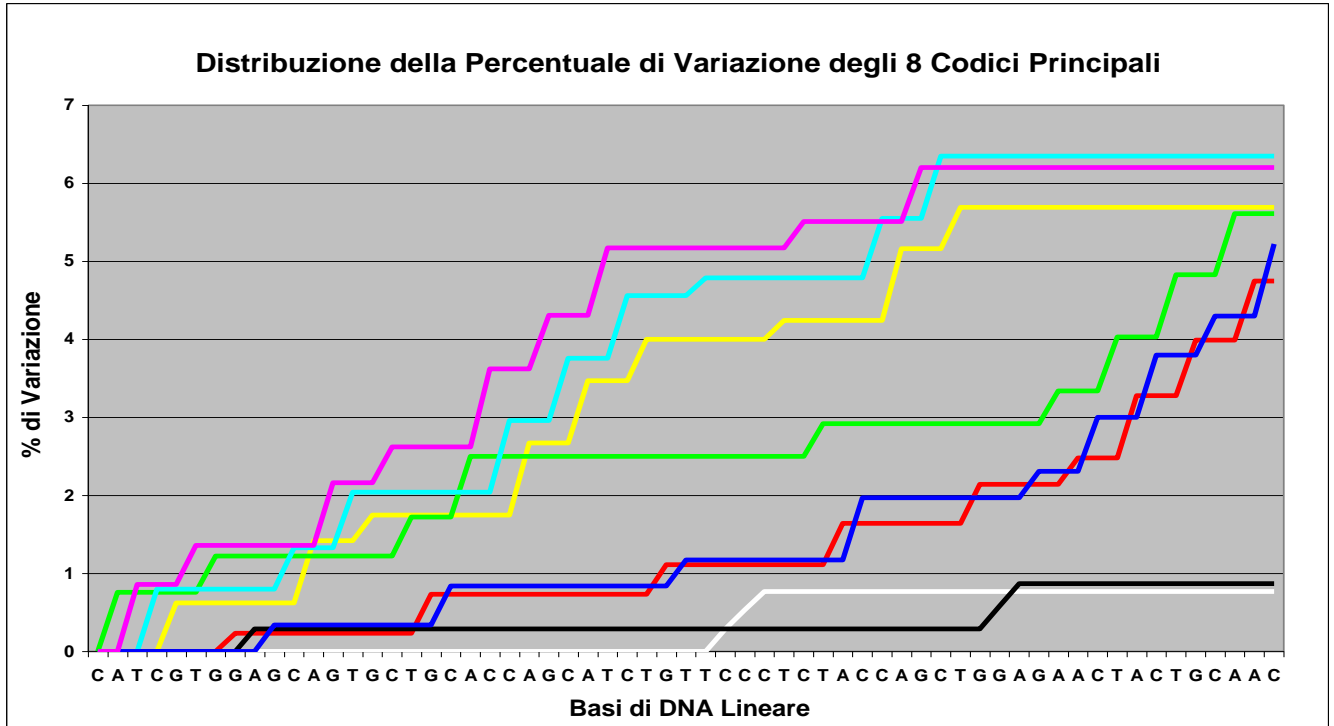


Fig. 65 (B)

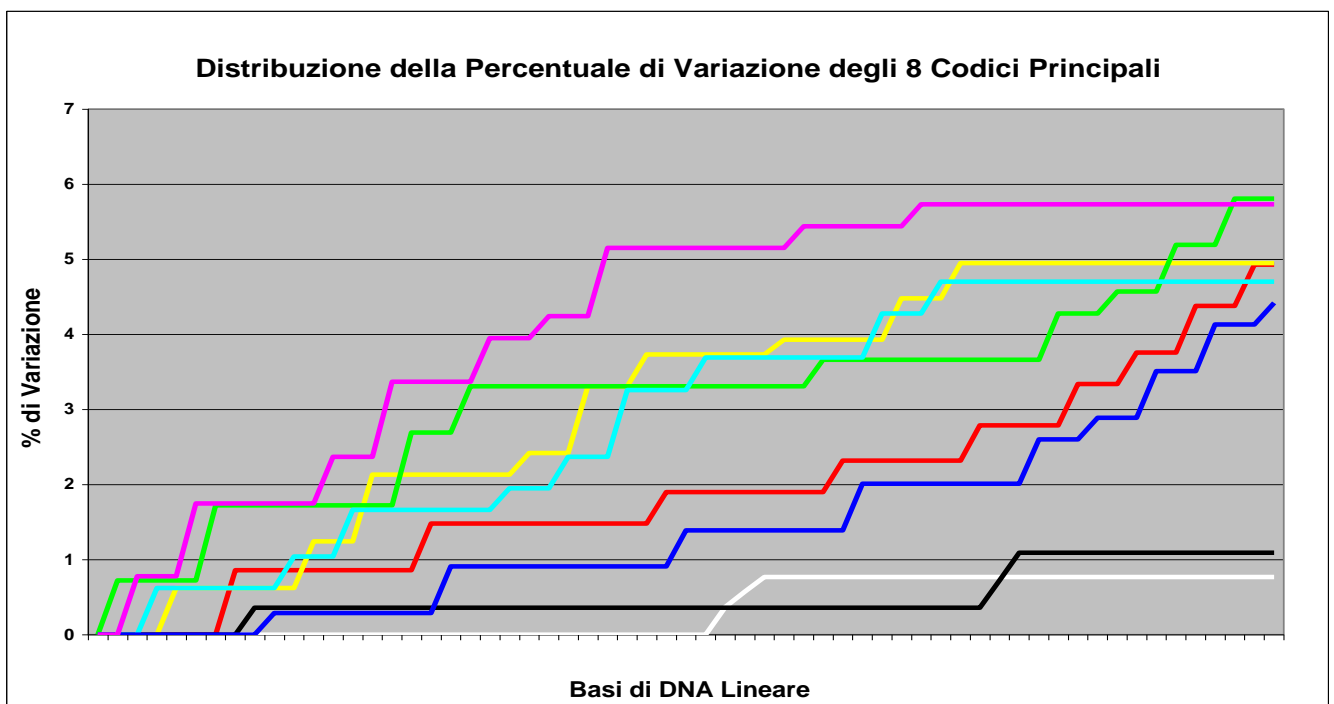
In Fig. 66 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 66 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 66 (A)**

Il grafico in Fig. 66 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.

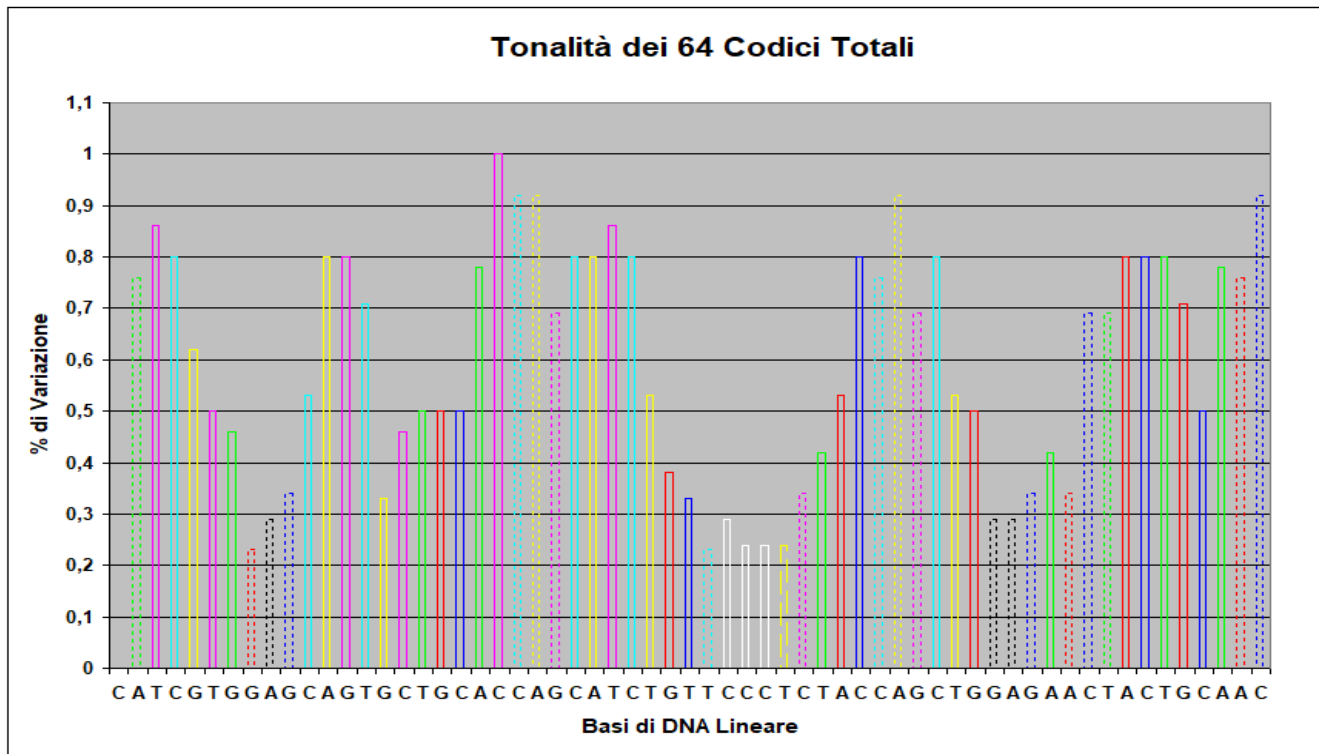


**Fig. 66 (B)**



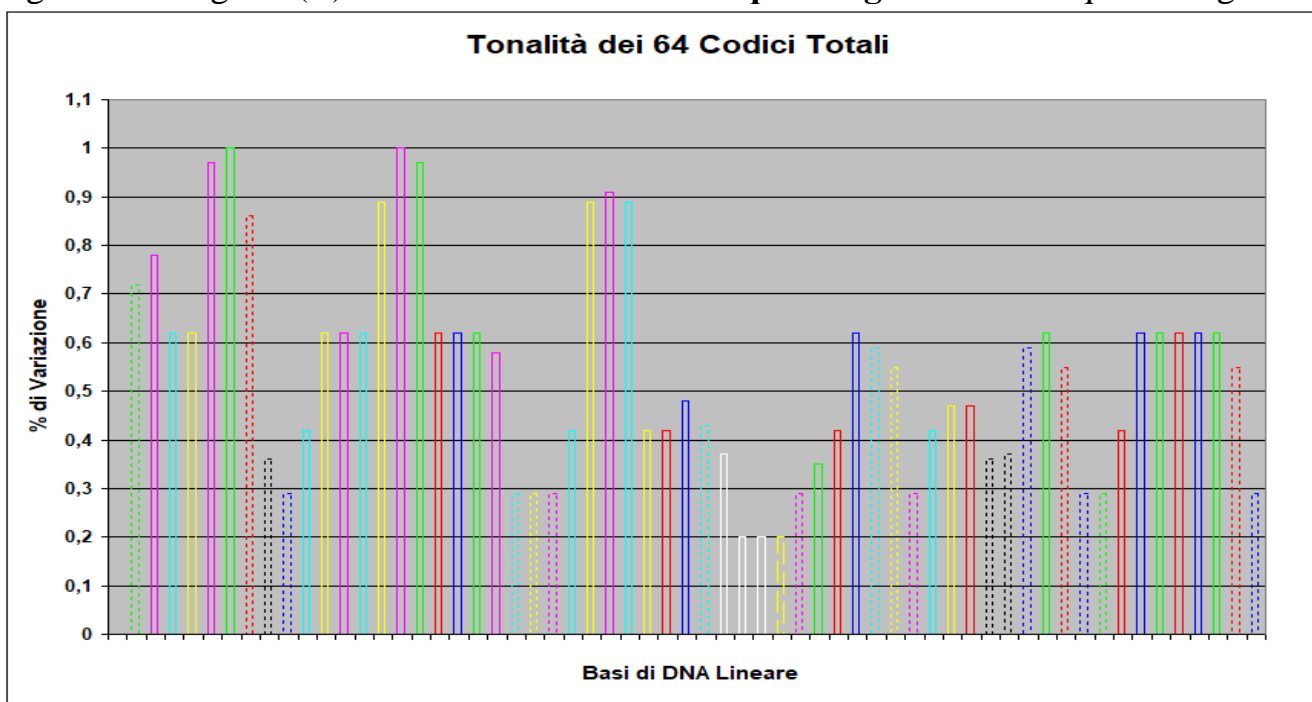
In Fig. 67 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 67 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 67 (A)**

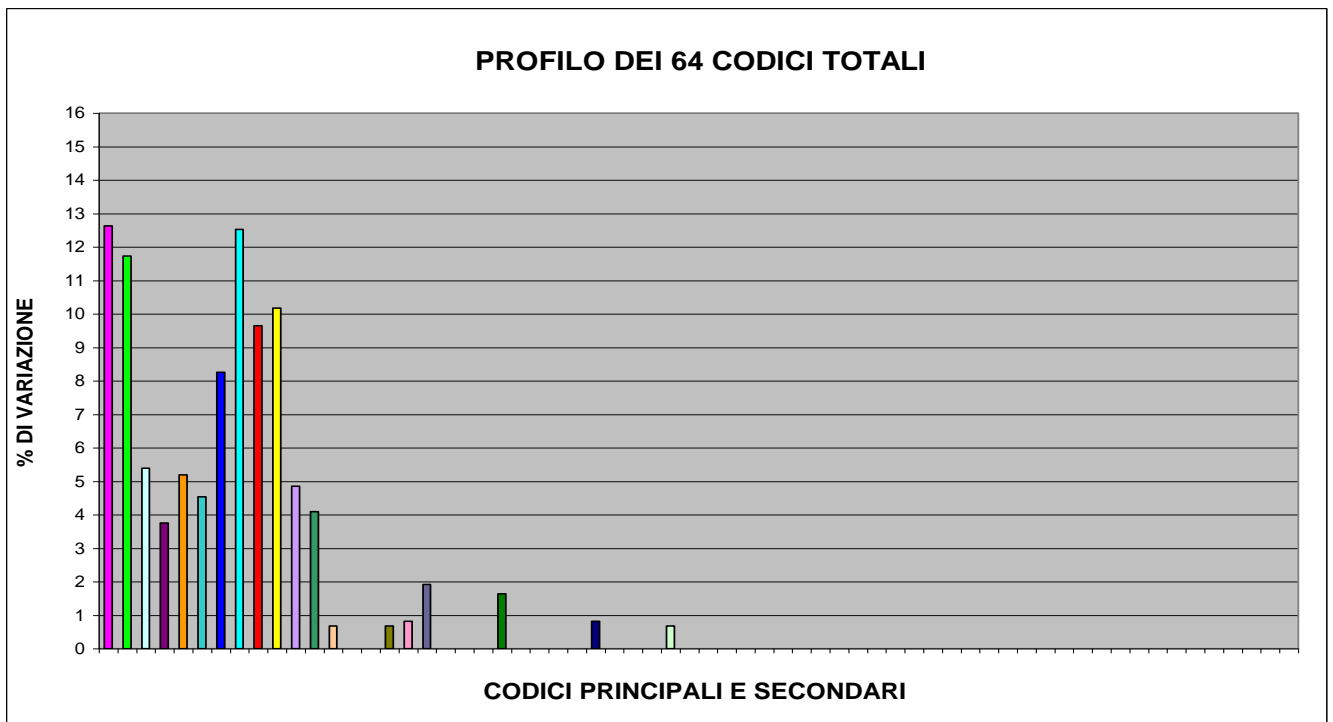
Il grafico in Fig. 67 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 67 (B)**

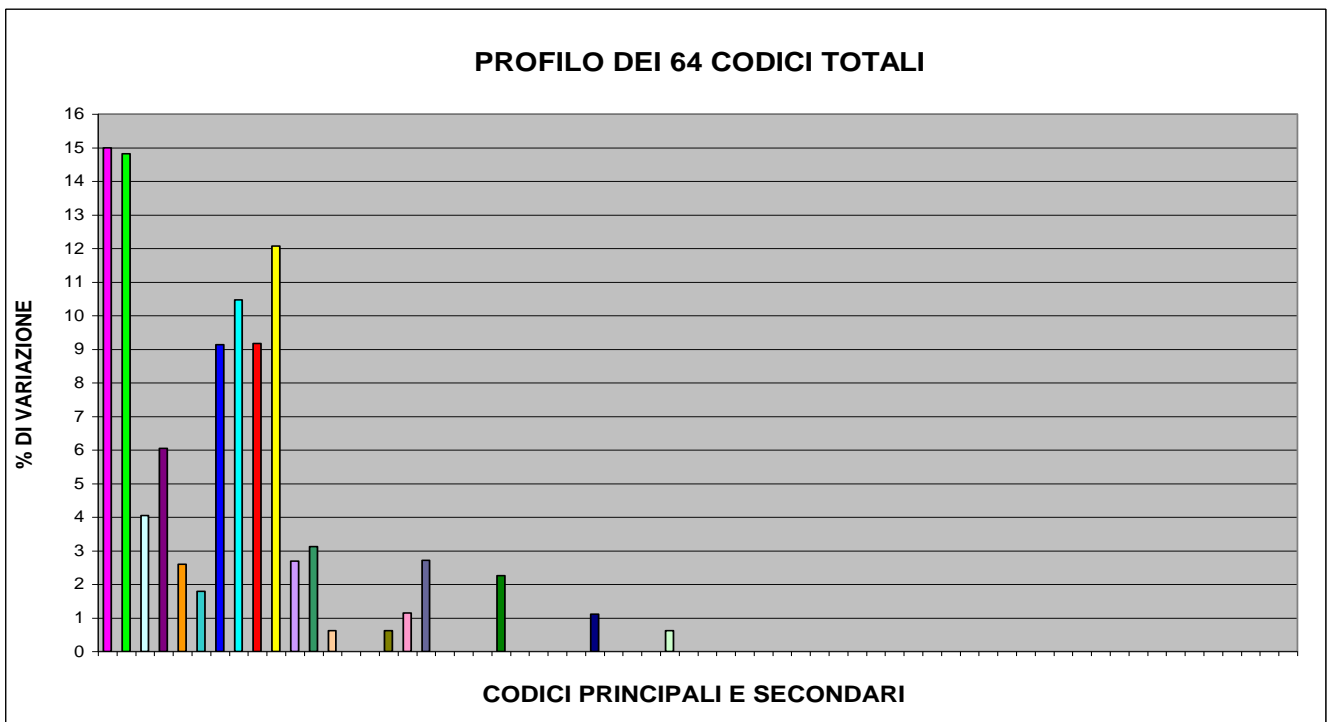
In Fig. 68 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 68 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 66 (A)**

Il grafico in Fig. 68 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 68 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 17/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 17/1**, **SOLTANTO UNDICI BASI** (il **17,46%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

### 1.35 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 17/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 17/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

#### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 17/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 17/1)**

**Length = 63**

#### **Parametri della ricerca BLAST**

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

#### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 17/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 17/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 17/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 17/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_023370401.1	PREDICTED: Centruroides sculpturatus prostatic spermine-binding protein-like (LOC111626878), mRNA	50.9	50.9	87%	0.005	80%	<a href="#">XM_023370401.1</a>
2 NG_042811.1	<b>Homo sapiens</b> protein kinase cAMP-dependent type I regulatory subunit beta (PRKAR1B), RefSeqGene on chromosome 7	48.2	92.7	73%	0.018	83%	<a href="#">NG_042811.1</a>
3 AC099731.5	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-1244M4 from 7, complete sequence	48.2	92.7	73%	0.018	83%	<a href="#">AC099731.5</a>
4 AC144411.2	<b>Homo sapiens</b> BAC clone GS1-146C24 from 7, complete sequence	48.2	92.7	73%	0.018	83%	<a href="#">AC144411.2</a>
5 XM_636333.1	<b>Dictyostelium discoideum</b> AX4 GCN5-related N-acetyltransferase (eco1) mRNA, complete cds	44.6	44.6	69%	0.22	82%	<a href="#">XM_636333.1</a>
6 AF466307.2	<b>Dictyostelium discoideum</b> ABC transporter AbcB4 (abcB4) gene, complete cds	44.6	44.6	69%	0.22	82%	<a href="#">AF466307.2</a>
7 XM_027632371.1	PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> mucin-3B-like (LOC113941211), partial mRNA	43.7	43.7	80%	0.78	78%	<a href="#">XM_027632371.1</a>
8 CP017345.1	<b>Talaromyces pinophilus strain 1-95</b> chromosome 2, complete sequence	43.7	43.7	80%	0.78	78%	<a href="#">CP017345.1</a>
9 AC129018.4	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP24-463L19 from chromosome 10, complete sequence	43.7	43.7	73%	0.78	80%	<a href="#">AC129018.4</a>
10 CP034522.1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 19	42.8	84.6	71%	0.78	81%	<a href="#">CP034522.1</a>
11 CP034497.1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 19	42.8	84.6	71%	0.78	81%	<a href="#">CP034497.1</a>
12 CP034494.1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 16	42.8	161	84%	0.78	81%	<a href="#">CP034494.1</a>
13 NG_055257.1	<b>Homo sapiens</b> mucin 16, cell surface associated (MUC16), RefSeqGene on chromosome 19	42.8	84.6	71%	0.78	81%	<a href="#">NG_055257.1</a>
14 AF429315.1	<b>Homo sapiens</b> junctophilin 3 (JPH3) gene, partial cds	42.8	42.8	79%	0.78	81%	<a href="#">AF429315.1</a>
15 AC092720.4	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone RP11-482M8, complete sequence	42.8	42.8	79%	0.78	81%	<a href="#">AC092720.4</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
16 AC010536.8	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone RP11-278A23, complete sequence	42.8	42.8	79%	0.78	81%	<a href="#">AC010536.8</a>
17 AC079437.2	<b>Rattus norvegicus</b> strain Brown Norway chromosome 4 clone RP31-275K4, complete sequence	42.8	42.8	84%	0.78	77%	<a href="#">AC079437.2</a>
18 AC008734.7	<b>Homo sapiens</b> chromosome 19 clone CTD-2529P6, complete sequence	42.8	84.6	71%	0.78	81%	<a href="#">AC008734.7</a>
19 LR535839.1	<b>Mastacembelus armatus</b> genome assembly, chromosome: 7	41.9	41.9	42%	2.7	96%	<a href="#">LR535839.1</a>
20 LT629740.1	Mucilagibacter mallensis strain MP1X4 genome assembly, chromosome: I	41.9	41.9	39%	2.7	96%	<a href="#">LT629740.1</a>
21 NM_128495.4	<b>Arabidopsis thaliana</b> metal tolerance protein B1 (MTPB1), mRNA	41.9	41.9	79%	2.7	78%	<a href="#">NM_128495.4</a>
22 <a href="#">CP011906.1</a>	<b>Ovis</b> canadensis canadensis isolate 43U chromosome 21 sequence	41.9	41.9	73%	2.7	80%	<a href="#">CP011906.1</a>
23 LN591022.1	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000001171	41.9	41.9	61%	2.7	85%	<a href="#">LN591022.1</a>
24 LK023368.1	Lichtheimia ramosa strain JMRC FSU:6197 genome assembly, scaffold: SCAF6	41.9	41.9	55%	2.7	86%	<a href="#">LK023368.1</a>
25 CP002685.1	<b>Arabidopsis thaliana</b> chromosome 2 sequence	41.9	41.9	79%	2.7	78%	<a href="#">CP002685.1</a>
26 BT015899.1	<b>Arabidopsis thaliana</b> At2g29410 gene, complete cds	41.9	41.9	79%	2.7	78%	<a href="#">BT015899.1</a>
27 BT014994.1	<b>Arabidopsis thaliana</b> At2g29410 gene, complete cds	41.9	41.9	79%	2.7	78%	<a href="#">BT014994.1</a>
28 AC004561.3	<b>Arabidopsis thaliana</b> chromosome 2 clone F16P2 map ve014, complete sequence	41.9	41.9	79%	2.7	78%	<a href="#">AC004561.3</a>
29 BX819615.1	<b>Arabidopsis thaliana</b> Full-length cDNA Complete sequence from clone GSLTFB94ZG01 of Flowers and buds of strain col-0 of Arabidopsis thaliana (thale cress)	41.9	41.9	79%	2.7	78%	<a href="#">BX819615.1</a>
30 CP025669.1	<b>Ipomoea triloba</b> cultivar NCNSP0323 chromosome 10	41.0	41.0	46%	2.7	93%	<a href="#">CP025669.1</a>
31 XM_011636383.2	PREDICTED: Pogonomymex barbatus prostatic acid phosphatase-like (LOC105425553), mRNA	41.0	41.0	53%	2.7	88%	<a href="#">XM_011636383.2</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
32 XM_016010635.2	PREDICTED: Ziziphus jujuba monocopper oxidase-like protein SKU5 (LOC107403720), mRNA	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">XM_016010635.2</a>
33 XM_020589131.1	PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> major histocompatibility complex class I-related gene protein-like (LOC109953661), partial mRNA	41.0	41.0	44%	2.7	93%	<a href="#">XM_020589131.1</a>
34 XM_018139441.1	Phialophora attae Disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein B (AB675_10653), partial mRNA	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">XM_018139441.1</a>
35 NG_047001.1	<b>Homo sapiens</b> PHD finger protein 2 (PHF2), RefSeqGene on chromosome 9	41.0	41.0	79%	2.7	79%	<a href="#">NG_047001.1</a>
36 KT384438.1	<b>Pteropus alecto</b> clone BAC22 genomic sequence	41.0	41.0	74%	2.7	79%	<a href="#">KT384438.1</a>
37 LK065234.1	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold158	41.0	41.0	60%	2.7	85%	<a href="#">LK065234.1</a>
38 XM_001536915.1	Histoplasma capsulatum NAM1 predicted protein partial mRNA	41.0	41.0	73%	2.7	83%	<a href="#">XM_001536915.1</a>
39 CU372918.5	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone DN-239C14 on chromosome 1, complete sequence	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">CU372918.5</a>
40 AC133161.4	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP24-534C7 from chromosome 1, complete sequence	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">AC133161.4</a>
41 AC158580.3	<b>Mus musculus</b> chromosome 1, clone RP24-97G17, complete sequence	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">AC158580.3</a>
42 AL353629.22	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP11-30L4 on chromosome 9q22.1-22.33, complete sequence	41.0	41.0	79%	2.7	79%	<a href="#">AL353629.22</a>
43 AC153369.4	<b>Mus musculus</b> 10 BAC RP23-103E4 (Roswell Park Cancer Institute (C57BL/6J Female) Mouse BAC Library) complete sequence	41.0	41.0	74%	2.7	79%	<a href="#">AC153369.4</a>
44 XM_006567665.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X13, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567665.3</a>
45 XM_006567664.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X12, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567664.3</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
46 XM_006567662.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X11, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567662.3</a>
47 XM_006567659.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X10, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567659.3</a>
48 XM_006567657.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X9, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567657.3</a>
49 XM_006567663.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X8, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567663.3</a>
50 XM_006567658.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X7, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567658.3</a>
51 XM_006567656.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X6, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567656.3</a>
52 XM_006567655.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X5, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567655.3</a>
53 XM_016912269.2	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X4, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_016912269.2</a>
54 XM_006567660.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X3, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567660.3</a>
55 XM_006567654.3	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_006567654.3</a>
56 XM_394588.7	PREDICTED: Apis mellifera synaptosomal-associated protein 25 (LOC411114), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	73%	9.5	80%	<a href="#">XM_394588.7</a>
57 CP032607.1	<b>Lateolabrax maculatus</b> linkage group 10 sequence	40.1	40.1	47%	9.5	90%	<a href="#">CP032607.1</a>
58 CP027277.1	<b>Lateolabrax maculatus</b> chromosome Lm16	40.1	40.1	47%	9.5	90%	<a href="#">CP027277.1</a>



Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
59 CP034510.1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome Y	40.1	80.1	71%	9.5	80%	<a href="#">CP034510.1</a>
60 CP034499.1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 20	40.1	40.1	73%	9.5	75%	<a href="#">CP034499.1</a>
61 XM_024327537.1	PREDICTED: <i>Rosa chinensis</i> uncharacterized LOC112188416 (LOC112188416), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	69%	9.5	80%	<a href="#">XM_024327537.1</a>
62 XM_024327529.1	PREDICTED: <i>Rosa chinensis</i> uncharacterized LOC112188416 (LOC112188416), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	69%	9.5	80%	<a href="#">XM_024327529.1</a>
63 XM_021559236.1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus mykiss</b> zinc finger protein 2 homolog (LOC110487312), transcript variant X3, mRNA	40.1	40.1	57%	9.5	86%	<a href="#">XM_021559236.1</a>
64 XM_021559235.1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus mykiss</b> zinc finger protein 2 homolog (LOC110487312), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	57%	9.5	86%	<a href="#">XM_021559235.1</a>
65 XM_021559234.1	PREDICTED: <b>Oncorhynchus mykiss</b> zinc finger protein 2 homolog (LOC110487312), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	57%	9.5	86%	<a href="#">XM_021559234.1</a>
66 XM_007024827.2	PREDICTED: <b>Theobroma cacao</b> uncharacterized LOC18596393 (LOC18596393), mRNA	40.1	40.1	65%	9.5	81%	<a href="#">XM_007024827.2</a>
67 LT594793.1	<b>Theobroma cacao</b> genome assembly, chromosome: VI	40.1	40.1	65%	9.5	81%	<a href="#">LT594793.1</a>
68 KT731538.1	Lymphocytic choriomeningitis mammarenavirus isolate Comou segment S, complete sequence	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">KT731538.1</a>
69 NG_030314.1	<b>Homo sapiens</b> ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 1 (AGAP1), RefSeqGene on chromosome 2	40.1	40.1	79%	9.5	78%	<a href="#">NG_030314.1</a>
70 BX927333.11	<b>Zebrafish</b> DNA sequence from clone CH211-69C15 in linkage group 10, complete sequence	40.1	40.1	46%	9.5	90%	<a href="#">BX927333.11</a>
71 AC106739.5	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone CTD-3203P2, complete sequence	40.1	79.2	80%	9.5	80%	<a href="#">AC106739.5</a>
72 AL050326.3	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP5-836E13 on chromosome 20, complete sequence	40.1	40.1	73%	9.5	75%	<a href="#">AL050326.3</a>

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
73 AC079176.15	<b>Homo sapiens</b> X BAC RP11-325D5 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence	40.1	40.1	71%	9.5	80%	<a href="#">AC079176.15</a>
74 AC064874.4	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-680O16 from 2, complete sequence	40.1	40.1	79%	9.5	78%	<a href="#">AC064874.4</a>
75 LR132023.1	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 9	39.2	39.2	52%	9.5	88%	<a href="#">LR132023.1</a>
76 LR132016.1	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 14	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">LR132016.1</a>
77 CP026258.1	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 16	39.2	39.2	84%	9.5	77%	<a href="#">CP026258.1</a>
78 XM_020656039.1	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> angiotensin-related protein 2-like (LOC110000701), mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_020656039.1</a>
79 XM_011431523.2	PREDICTED: Crassostrea gigas histone deacetylase 8 (LOC105329992), transcript variant X3, mRNA	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">XM_011431523.2</a>
80 XM_016435296.1	Kalmanozyma brasiliensis GHG001 hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	65%	9.5	80%	<a href="#">XM_016435296.1</a>
81 KU306397.1	Corynebacterium glutamicum plasmid pBL90, complete sequence	39.2	39.2	50%	9.5	88%	<a href="#">KU306397.1</a>
82 XM_951192.2	<b>Neurospora crassa OR74A</b> hypothetical protein (NCU05016), mRNA	39.2	39.2	65%	9.5	80%	<a href="#">XM_951192.2</a>
83 LN597923.1	<b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000000423	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">LN597923.1</a>
84 XM_009014454.1	<b>Helobdella robusta</b> hypothetical protein mRNA	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">XM_009014454.1</a>
85 XM_007415776.1	Melampsora larici-populina 98AG31 hypothetical protein (MELLADRAFT_73090), mRNA	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_007415776.1</a>
86 XM_003289664.1	<b>Dictyostelium</b> purpureum hypothetical protein, mRNA	39.2	39.2	68%	9.5	81%	<a href="#">XM_003289664.1</a>
87 FP067403.9	Pig DNA sequence from clone CH242-212L20 on chromosome X, complete sequence	39.2	39.2	73%	9.5	78%	<a href="#">FP067403.9</a>
88 AC197615.4	<b>Macaca Mulatta</b> BAC clone CH250-38N17 from chromosome 10, complete sequence	39.2	39.2	73%	9.5	78%	<a href="#">AC197615.4</a>

**Sequences producing significant alignments:**

Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
89 AC093519.3	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone RP11-107C10, complete sequence	39.2	39.2	73%	9.5	78%	<a href="#">AC093519.3</a>
90 AC116612.5	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP13-582L3 from 4, complete sequence	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">AC116612.5</a>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
2 Select seq <a href="#">NG_042811.1</a>	<b>Homo sapiens</b> protein kinase cAMP-dependent type I regulatory subunit beta (PRKAR1B), RefSeqGene on chromosome 7	Select seq <a href="#">AH002844.2</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) gene, complete cds
3 Select seq <a href="#">AC099731.5</a>	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-1244M4 from 7, complete sequence	Select seq <a href="#">AH012037.2</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> haplotype ICa tyrosine hydroxylase (TH) gene, partial sequence; insulin (INS) gene, complete cds; and insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, partial sequence
4 Select seq <a href="#">AC144411.2</a>	<b>Homo sapiens</b> BAC clone GS1-146C24 from 7, complete sequence	Select seq <a href="#">NG_050578.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> INS-IGF2 readthrough (INS-IGF2), RefSeqGene on chromosome 11
13 Select seq <a href="#">NG_055257.1</a>	<b>Homo sapiens</b> mucin 16, cell surface associated (MUC16), RefSeqGene on chromosome 19	Select seq <a href="#">KR710184.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010257 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
14 Select seq <a href="#">AF429315.1</a>	<b>Homo sapiens</b> junctophilin 3 (JPH3) gene, partial cds	Select seq <a href="#">KR710183.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010256 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
15 Select seq <a href="#">AC092720.4</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone RP11-482M8, complete sequence	Select seq <a href="#">KR710182.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010255 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
16 Select seq <a href="#">AC010536.8</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone RP11-278A23, complete sequence	Select seq <a href="#">KJ891480.1</a> 2/1 9/1 10/1 15/1 17/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone ccsbBroadEn_00874 INS gene, encodes complete protein
18 Select seq <a href="#">AC008734.7</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 19 clone CTD-2529P6, complete sequence	Select seq <a href="#">NM_001291897.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 4, mRNA
35 Select seq <a href="#">NG_047001.1</a>	<b>Homo sapiens</b> PHD finger protein 2 (PHF2), RefSeqGene on chromosome 9	Select seq <a href="#">JQ951950.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> preproinsulin (INS) mRNA, complete cds

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
69 Select seq <a href="#">NG_030314.1</a>	<b>Homo sapiens</b> ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 1 (AGAP1), RefSeqGene on chromosome 2	Select seq <a href="#">JF909299.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS) mRNA, partial cds
71 Select seq <a href="#">AC106739.5</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone CTD-3203P2, complete sequence	Select seq <a href="#">AB587580.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic construct DNA, clone: pF1KB8864, <b>Homo sapiens</b> INS gene for insulin, without stop codon, in Flexi system
73 Select seq <a href="#">AC079176.15</a>	<b>Homo sapiens</b> X BAC RP11-325D5 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence	Select seq <a href="#">NM_001185098.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 3, mRNA
74 Select seq <a href="#">AC064874.4</a>	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP11-680O16 from 2, complete sequence	Select seq <a href="#">NM_001185097.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 2, mRNA
89 Select seq <a href="#">AC093519.3</a>	<b>Homo sapiens</b> chromosome 16 clone RP11-107C10, complete sequence	Select seq <a href="#">NG_007114.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), RefSeqGene on chromosome 11
90 Select seq <a href="#">AC116612.5</a>	<b>Homo sapiens</b> BAC clone RP13-582L3 from 4, complete sequence	Select seq <a href="#">DQ778082.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> clone BFC06103 insulin mRNA, complete cds
		Select seq <a href="#">DQ896283.2</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone IMAGE:100010743; FLH192918.01L; RZPDo839A1068D insulin (INS) gene, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">NM_000207.2</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin (INS), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">BT007778.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">BT006808.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin mRNA, complete cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 17/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **"Specie degli Organismi in Comune"**:

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BC005255.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> insulin, mRNA (cDNA clone MGC:12292 IMAGE:3950204), complete cds
		Select seq <a href="#">AC132217.15</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-889I17, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC130303.8</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP4-539G11, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899304.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AJ009655.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> ins gene, partial
		Select seq <a href="#">X70508.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> mRNA for insulinoma pre-proinsulin
		Select seq <a href="#">L15440.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> tyrosine hydroxylase (TH) gene, 3' end; insulin (INS) gene, complete cds; insulin-like growth factor 2 (IGF2) gene, 5' end
		Select seq <a href="#">KR710185.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic construct <b>Homo sapiens</b> clone CCSBHm_00010262 INS (INS) mRNA, encodes complete protein
		Select seq <a href="#">AF050524.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	Synthetic <b>Homo sapiens</b> proinsulin-like protein BKRA gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC021233.9</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> chromosome 11, clone RP11-215H22, complete sequence

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AK024581.1</a> 2/1 8/1 9/1 10/1 15/1	<b>Homo sapiens</b> cDNA: FLJ20928 fis, clone ADSE01074
7 Select seq <a href="#">XM_027632371.1</a>	PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> mucin-3B-like (LOC113941211), partial mRNA	Select seq <a href="#">XM_027651359.1</a>  Select seq <a href="#">XM_027651356.1</a>  Select seq <a href="#">XM_027651355.1</a>	PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA  PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA  PREDICTED: <b>Corapipo altera</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
9 Select seq <a href="#">AC129018.4</a>	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP24-463L19 from chromosome 10, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_021152514.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA
40 Select seq <a href="#">AC133161.4</a>	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP24-534C7 from chromosome 1, complete sequence	Select seq <a href="#">DQ250565.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
41 Select seq <a href="#">AC158580.3</a>	<b>Mus musculus</b> chromosome 1, clone RP24-97G17, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_021215010.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA
43 Select seq <a href="#">AC153369.4</a>	<b>Mus musculus</b> 10 BAC RP23-103E4 (Roswell Park Cancer Institute (C57BL/6J Female) Mouse BAC Library) complete sequence	Select seq <a href="#">NM_008386.4</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA
		Select seq <a href="#">BC145868.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ479923.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 17/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AC163452.12</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-405C7, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC136710.8</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-35B13, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC140320.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence
		Select seq <a href="#">BC098468.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds
		Select seq <a href="#">AK148541.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007345.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">XM_021168754.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021168753.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185084.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185083.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA



Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 17/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">NM_008387.5</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">JN959239.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">JN951270.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">BC145554.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds
		Select seq <a href="#">BC099934.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds
		Select seq <a href="#">BC132650.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ250569.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AK007612.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007482.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">BC066208.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

<b>Allineamenti Sequenza 17/1</b>	<b>Descrizione</b>	<b>Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina</b>	<b>Descrizione</b>
		Select seq <a href="#">AC012382.14</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899305.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AC013548.13</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AP003182.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences
		Select seq <a href="#">GQ915612.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">XM_021204833.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021204825.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 18/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA
10 Select seq <a href="#">CP034522.1</a>	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 19	Select seq <a href="#">CP034516.1</a> 2/1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 13
11 Select seq <a href="#">CP034497.1</a>	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 19	Select seq <a href="#">CP034491.1</a> 2/1	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 13
12 Select seq <a href="#">CP034494.1</a>	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 16		
59 Select seq <a href="#">CP034510.1</a>	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome Y		

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 17/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
60 Select seq <a href="#">CP034499.1</a>	<b>Eukaryotic</b> synthetic construct chromosome 20		
17 Select seq <a href="#">AC079437.2</a>	<b>Rattus norvegicus</b> strain Brown Norway chromosome 4 clone RP31-275K4, complete sequence	Select seq <a href="#">DQ250563.1</a>	<b>Rattus</b> losea preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AH002190.2</a>	<b>Rattus norvegicus</b> insulin 2 (INS2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">FQ231224.1</a>	<b>Rattus norvegicus</b> TL0AEA77YF17 mRNA sequence
		Select seq <a href="#">NM_019129.3</a>	<b>Rattus norvegicus</b> insulin 1 (Ins1), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_019130.2</a>	<b>Rattus norvegicus</b> insulin 2 (Ins2), mRNA
		Select seq <a href="#">DQ250567.1</a>	<b>Rattus</b> losea preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
19 Select seq <a href="#">LR535839.1</a>	<b>Mastacembelus armatus</b> genome assembly, chromosome: 7	Select seq <a href="#">LR535846.1</a>	<b>Mastacembelus armatus</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">XM_026329134.1</a>	PREDICTED: <b>Mastacembelus armatus</b> insulin (LOC113143484), mRNA
		Select seq <a href="#">LR535851.1</a>	<b>Mastacembelus armatus</b> genome assembly, chromosome: 19
		Select seq <a href="#">XM_026315125.1</a>	PREDICTED: <b>Mastacembelus armatus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113135260), transcript variant X2, mRNA
19 Select seq <a href="#">LR535839.1</a>	<b>Mastacembelus armatus</b> genome assembly, chromosome: 7	Select seq <a href="#">XM_026315124.1</a>	PREDICTED: <b>Mastacembelus armatus</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC113135260), transcript variant X1, mRNA

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
<p>22 Select seq <a href="#">CP011906.1</a> 14/1</p>	<p><b>Ovis canadensis</b> canadensis isolate 43U chromosome 21 sequence</p>	<p>Select seq <a href="#">XM_027959829.1</a> 6/1 14/1</p> <p>Select seq <a href="#">AH005355.3</a> 6/1 14/1</p> <p>Select seq <a href="#">XM_012167536.2</a> 6/1 14/1</p>	<p>PREDICTED: <b>Ovis</b> aries insulin (INS), mRNA</p> <p><b>Ovis</b> aries insulin and insulin-like growth factor II (IGF-II) genes, complete cds</p> <p>PREDICTED: <b>Ovis</b> aries musimon insulin (LOC105613195), mRNA</p>
<p>23 Select seq <a href="#">LN591022.1</a></p>	<p><b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000001171</p>	<p>Select seq <a href="#">XM_019069183.1</a> 4/1 6/1</p>	<p>PREDICTED: <b>Cyprinus carpio</b> insulin-like (LOC109051698), mRNA</p>
<p>83 Select seq <a href="#">LN597923.1</a></p>	<p><b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000000423</p>	<p>Select seq <a href="#">LN590733.1</a> 4/1 6/1</p>	<p><b>Cyprinus carpio</b> genome assembly common carp genome, scaffold 000000053</p>
<p>33 Select seq <a href="#">XM_020589131.1</a></p>	<p>PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> major histocompatibility complex class I-related gene protein-like (LOC109953661), partial mRNA</p>	<p>Select seq <a href="#">XM_020615193.1</a> 15/1</p> <p>Select seq <a href="#">XM_020599783.1</a> 15/1</p> <p>Select seq <a href="#">XM_020591214.1</a> 15/1</p>	<p>PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin (LOC109968712), mRNA</p> <p>PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin-like (LOC109959979), mRNA</p> <p>PREDICTED: <b>Monopterus albus</b> insulin-like (LOC109955249), mRNA</p>
<p>36 Select seq <a href="#">KT384438.1</a></p>	<p><b>Pteropus alecto</b> clone BAC22 genomic sequence</p>	<p>Select seq <a href="#">XM_006910977.1</a></p>	<p>PREDICTED: <b>Pteropus alecto</b> insulin (LOC102881117), mRNA</p>
<p>37 Select seq <a href="#">LK065234.1</a></p>	<p><b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold158</p>	<p>Select seq <a href="#">XM_026079009.1</a> 5/1 6/1</p>	<p>PREDICTED: <b>Apteryx</b> rowi insulin (INS), mRNA</p>

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">XM_013957848.1</a> 5/1 6/1	PREDICTED: <b>Apteryx australis mantelli</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">LK064676.1</a> 5/1 6/1	<b>Apteryx australis mantelli</b> genome assembly AptMant0, scaffold scaffold77
39 Select seq <a href="#">CU372918.5</a>	<b>Mouse</b> DNA sequence from clone DN-239C14 on chromosome 1, complete sequence	Select seq <a href="#">X04725.1</a> 8/1 10/1 13/1  Select seq <a href="#">X04725.1</a> 8/1 10/1 13/1	<b>Mouse</b> preproinsulin gene I  <b>Mouse</b> preproinsulin gene II
42 Select seq <a href="#">AL353629.22</a>	<b>Human</b> DNA sequence from clone RP11-30L4 on chromosome 9q22.1-22.33, complete sequence	Select seq <a href="#">J02547.1</a> 8/1  Select seq <a href="#">M31026.1</a> 8/1  Select seq <a href="#">V00082.1</a> 8/1  Select seq <a href="#">M12913.1</a> 8/1  Select seq <a href="#">LT733283.1</a> 8/1  Select seq <a href="#">M10039.1</a> 8/1  Select seq <a href="#">V00565.1</a> 8/1  Select seq <a href="#">AB501190.1</a> 8/1	<b>Human</b> (synthetic) insulin gene, complete cds  Synthetic <b>human</b> insulin B and mini-C chains using deactivated silica gel chromatography  Artificial gene for <b>human</b> proinsulin  Synthetic <b>human</b> proinsulin gene, complete cds  <b>Human</b> ORFeome Gateway entry vector pENTR223-INS, complete sequence  <b>Human</b> alpha-type insulin gene and 5' flanking polymorphic region  <b>Human</b> gene for preproinsulin, from chromosome 11. Includes a highly polymorphic region upstream from the insulin gene containing tandemly repeated sequences  Synthetic construct hpi gene for <b>human</b> M-proinsulin, complete cds

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">J02544.1</a> 8/1	Human insulin A chain gene (synthetic)
		Select seq <a href="#">AL354999.17</a> 8/1	Human DNA sequence from clone RP11-531B22 on chromosome 13, complete sequence
		Select seq <a href="#">AL354896.16</a> 8/1	Human DNA sequence from clone RP11-512M17 on chromosome 13, complete sequence
57 Select seq <a href="#">CP032607.1</a>	Lateolabrax maculatus linkage group 10 sequence	Select seq <a href="#">CP032586.1</a> 14/1 16/1	Lateolabrax maculatus linkage group 12 sequence
58 Select seq <a href="#">CP027277.1</a>	Lateolabrax maculatus chromosome Lm16	Select seq <a href="#">CP027266.1</a> 14/1 16/1	Lateolabrax maculatus chromosome Lm5
63 Select seq <a href="#">XM_021559236.1</a>	PREDICTED: Oncorhynchus mykiss zinc finger protein 2 homolog (LOC110487312), transcript variant X3, mRNA	Select seq <a href="#">XM_024402922.1</a> 6/1 10/1	PREDICTED: Oncorhynchus tshawytscha insulin-like (LOC112234674), mRNA
64 Select seq <a href="#">XM_021559235.1</a>	PREDICTED: Oncorhynchus mykiss zinc finger protein 2 homolog (LOC110487312), transcript variant X2, mRNA	Select seq <a href="#">XM_024402921.1</a> 6/1 10/1	PREDICTED: Oncorhynchus tshawytscha insulin-like (LOC112234673), mRNA
65 Select seq <a href="#">XM_021559234.1</a>	PREDICTED: Oncorhynchus mykiss zinc finger protein 2 homolog (LOC110487312), transcript variant X1, mRNA	Select seq <a href="#">XM_020464884.1</a> 6/1 10/1	PREDICTED: Oncorhynchus kisutch insulin-like (LOC109873252), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001124670.1</a> 6/1 10/1	Oncorhynchus mykiss preproinsulin 2 (LOC100136703), mRNA
		Select seq <a href="#">L11712.1</a> 6/1 10/1	Oncorhynchus keta insulin gene, complete cds

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 17/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
66 Select seq <a href="#">XM_007024827.2</a>	PREDICTED: <b>Theobroma cacao</b> uncharacterized LOC18596393 (LOC18596393), mRNA	Select seq <a href="#">LT594792.1</a> <b>9/1</b>	<b>Theobroma cacao</b> genome assembly, chromosome: V
67 Select seq <a href="#">LT594793.1</a>	<b>Theobroma cacao</b> genome assembly, chromosome: VI		
75 Select seq <a href="#">LR132023.1</a>	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 9	Select seq <a href="#">LR132016.1</a> <b>4/1 10/1</b>	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: <b>14</b>
76 Select seq <a href="#">LR132016.1</a>	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: <b>14</b>	Select seq <a href="#">LR132007.1</a> <b>4/1 10/1</b>	<b>Betta splendens</b> genome assembly, chromosome: 10
77 Select seq <a href="#">CP026258.1</a>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 16	Select seq <a href="#">CP026246.1</a> <b>10/1 13/1</b>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 4
		Select seq <a href="#">CP026255.1</a> <b>10/1 13/1</b>	<b>Scophthalmus maximus</b> chromosome 13
78 Select seq <a href="#">XM_020656039.1</a>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> angiopoietin-related protein 2-like (LOC110000701), mRNA	Select seq <a href="#">XM_020661338.1</a>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> insulin-like (LOC110006110), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_020648941.1</a>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> insulin-like (LOC109995271), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_020629757.1</a>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> insulin-like (LOC109981109), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_020637557.1</a>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC109986768), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_020637556.1</a>	PREDICTED: <b>Labrus bergylta</b> circularly permuted Ras protein 1-like (LOC109986768), transcript variant X1, mRNA

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 17/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle “**Specie degli Organismi in Comune**”:

Allineamenti Sequenza 17/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
88 Select seq <a href="#">AC197615.4</a>	<b>Macaca Mulatta</b> BAC clone CH250-38N17 from chromosome 10, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_015434180.1</a> 2/1 3/1 8/1	PREDICTED: <b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_015113354.1</a> 2/1 3/1 8/1	PREDICTED: <b>Macaca mulatta</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721319.1</a> 2/1 3/1 8/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X4, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721318.1</a> 2/1 3/1 8/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X3, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721317.1</a> 2/1 3/1 8/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_011721316.1</a> 2/1 3/1 8/1	PREDICTED: <b>Macaca nemestrina</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001284919.1</a> 2/1 3/1 8/1	<b>Macaca fascicularis</b> insulin (INS), mRNA



**Analisi della  
Sequenza n° 18/1 della  
Catena A dell'Insulina**

### 1.36 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 18/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 69 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 69 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

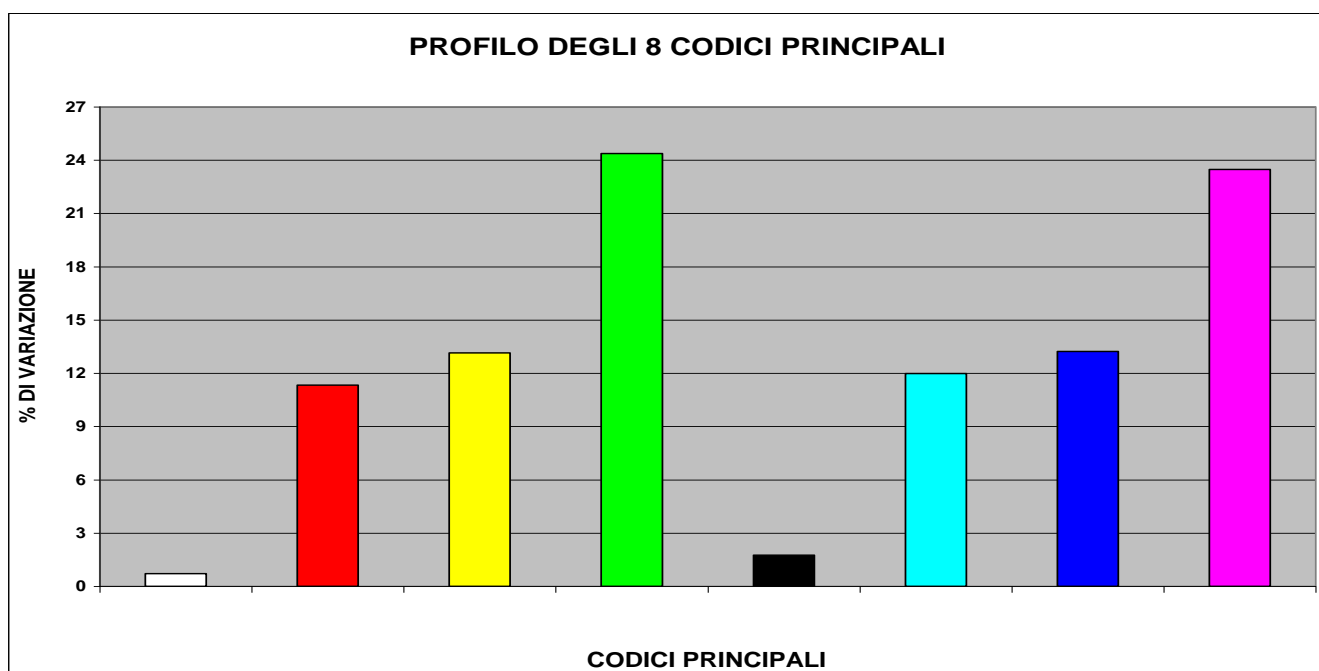


Fig. 69 (A)

Il grafico in Fig. 69 (B) si riferisce alla **diciottesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 18/1**) da quella originaria.

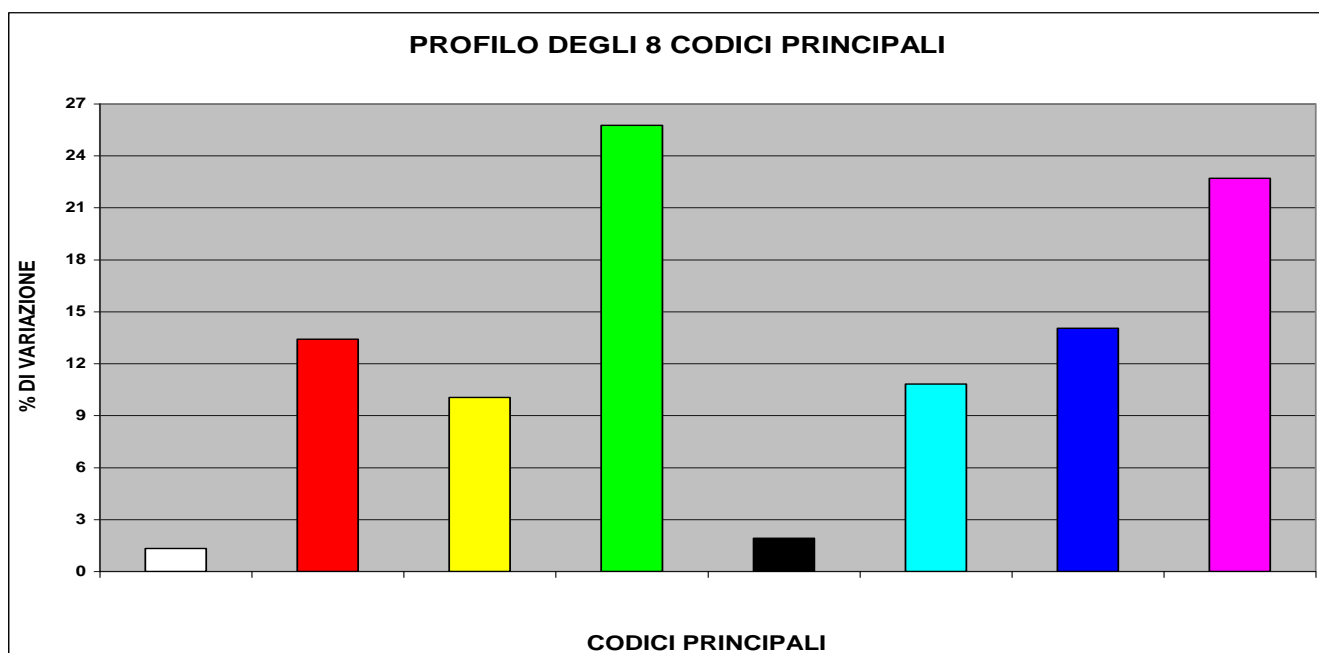
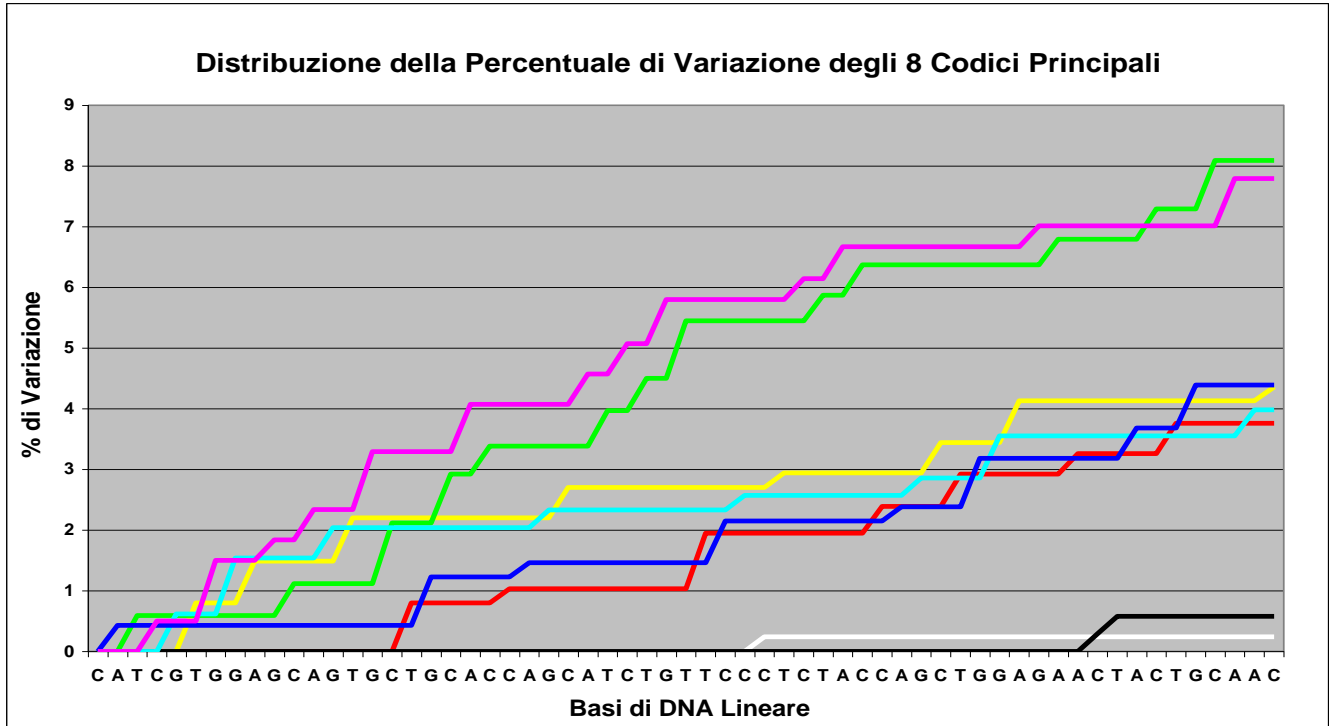


Fig. 69 (B)

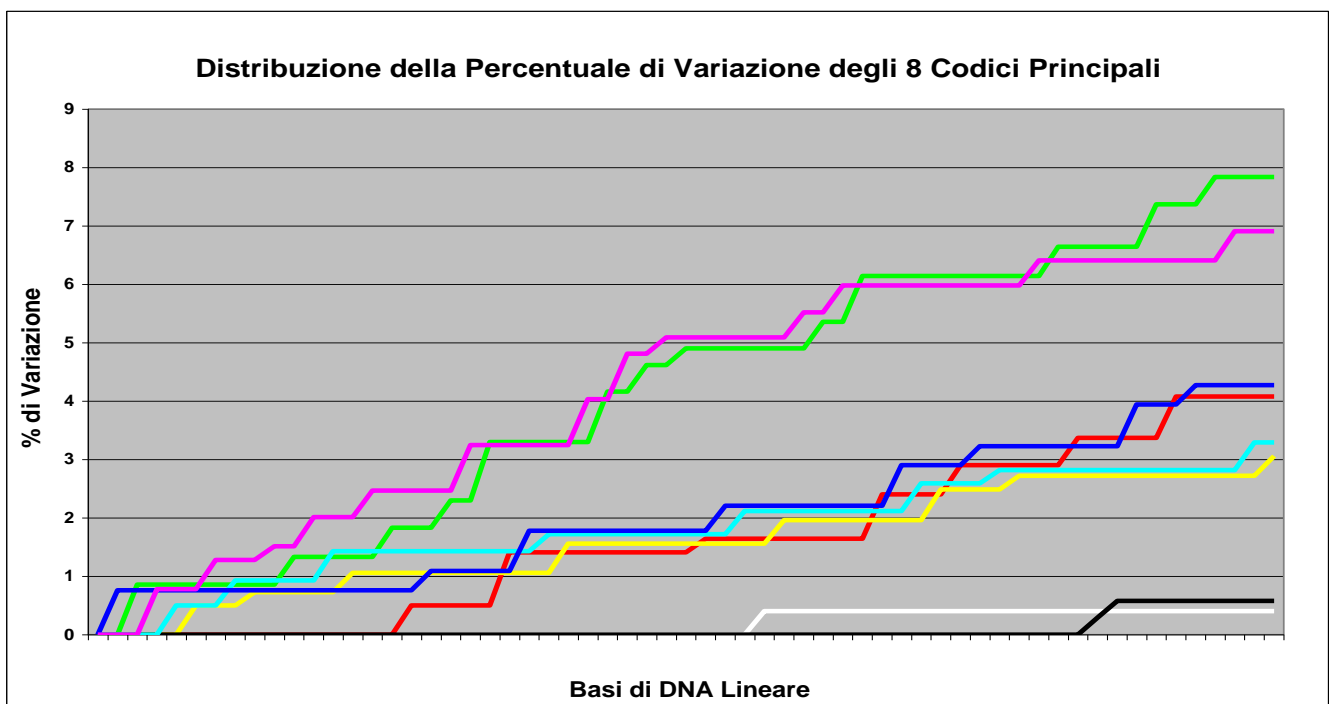
In Fig. 70 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 70 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 70 (A)**

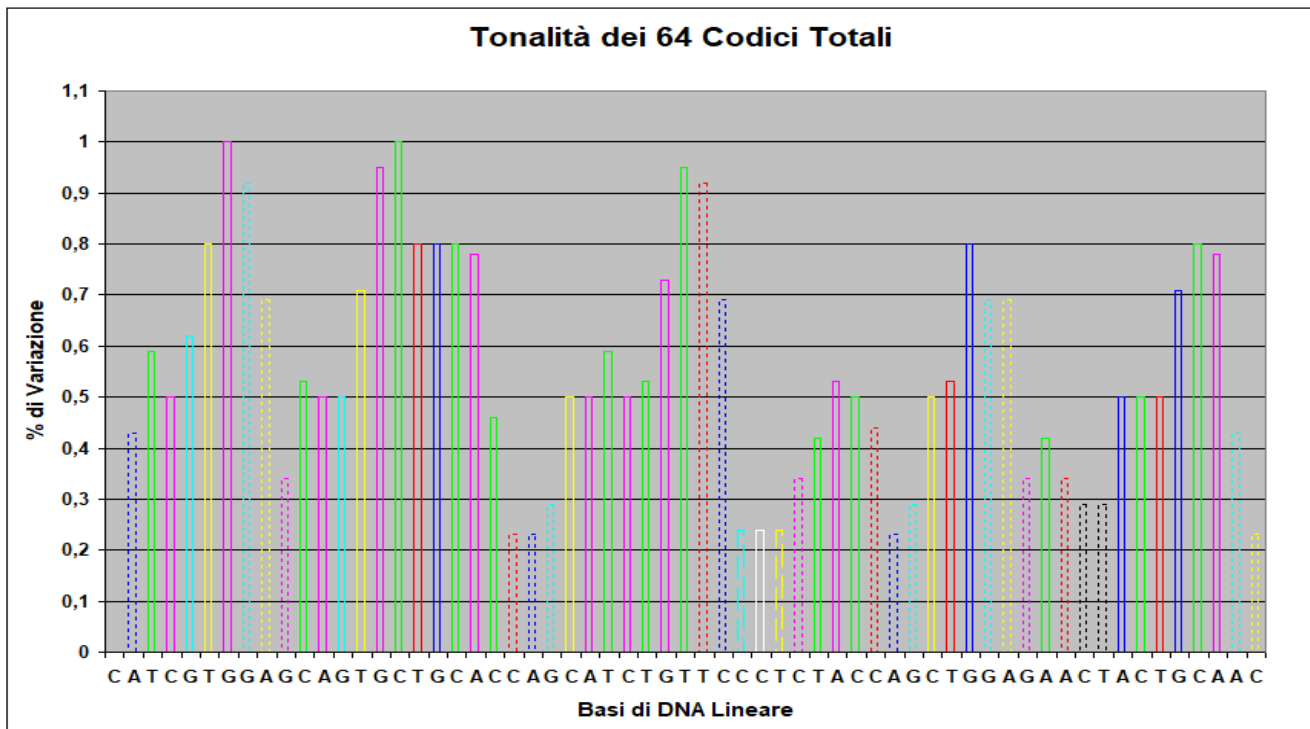
Il grafico in Fig. 70 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 70 (B)**

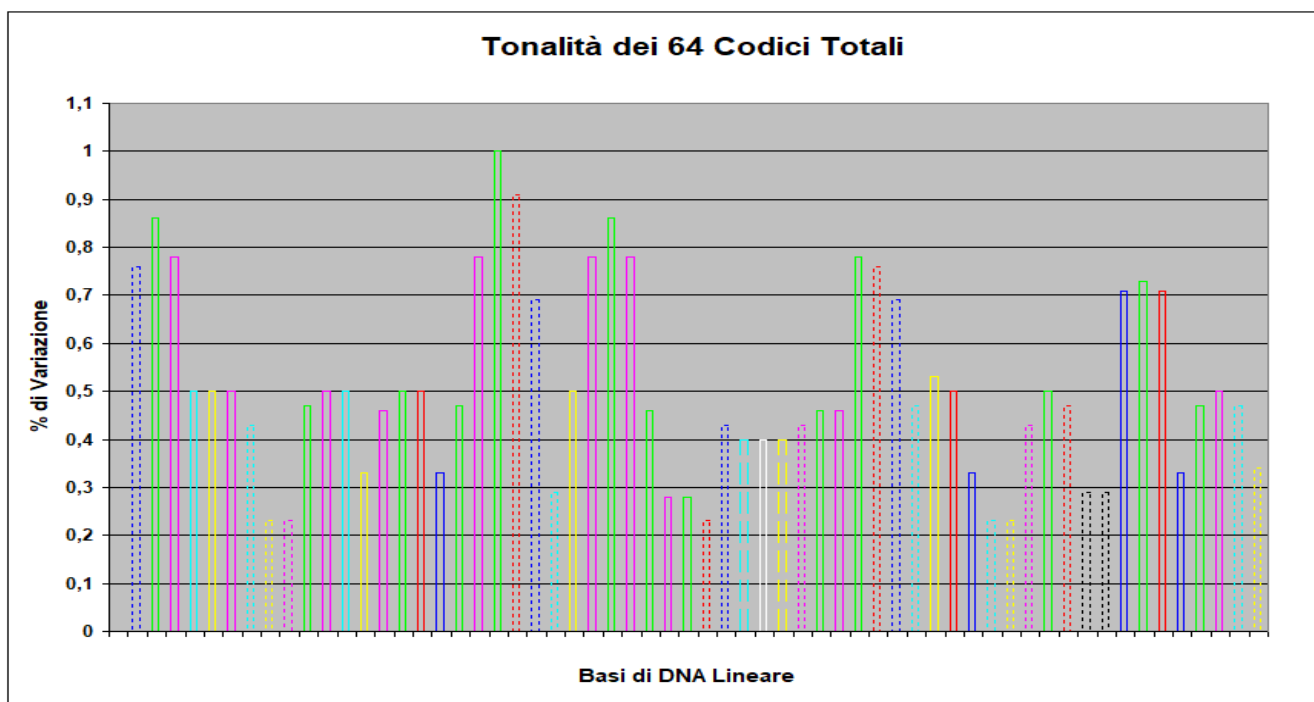
In Fig. 71 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 71 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 71 (A)**

Il grafico in Fig. 71 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 71 (B)**

In Fig. 72 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 72 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.

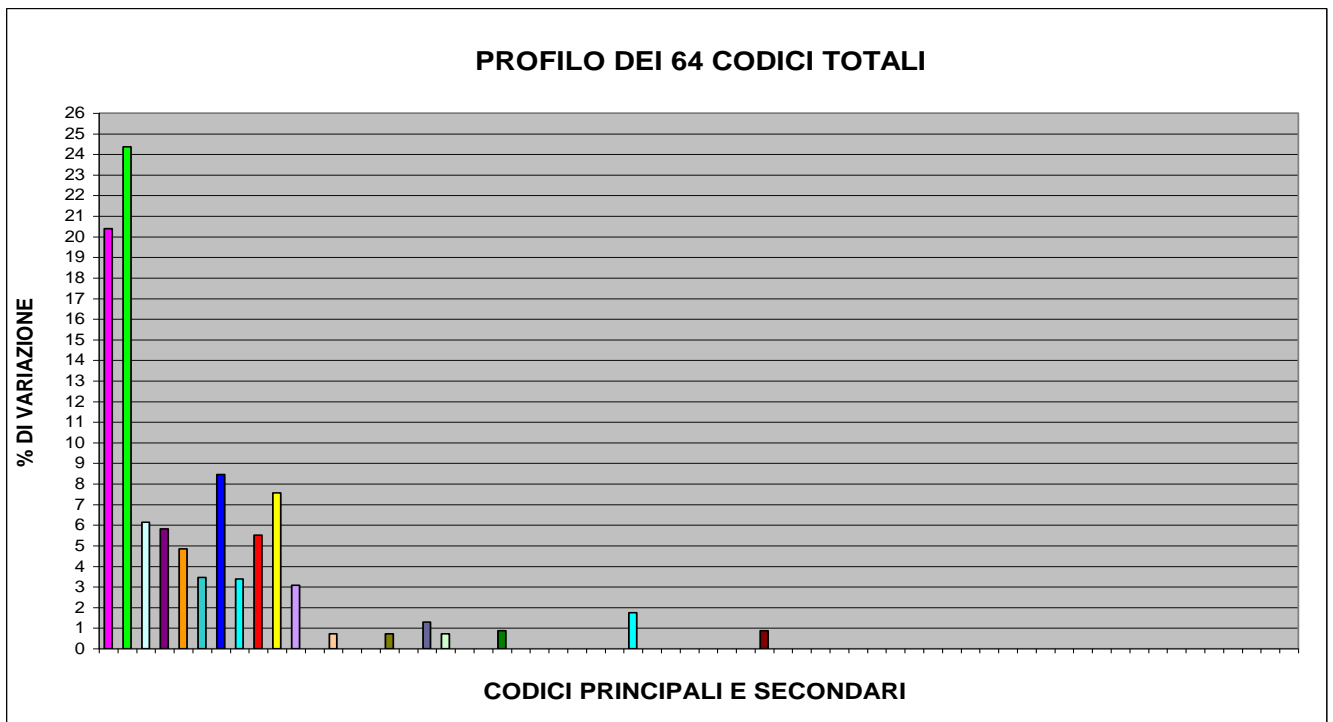


Fig. 72 (A)

Il grafico in Fig. 72 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.

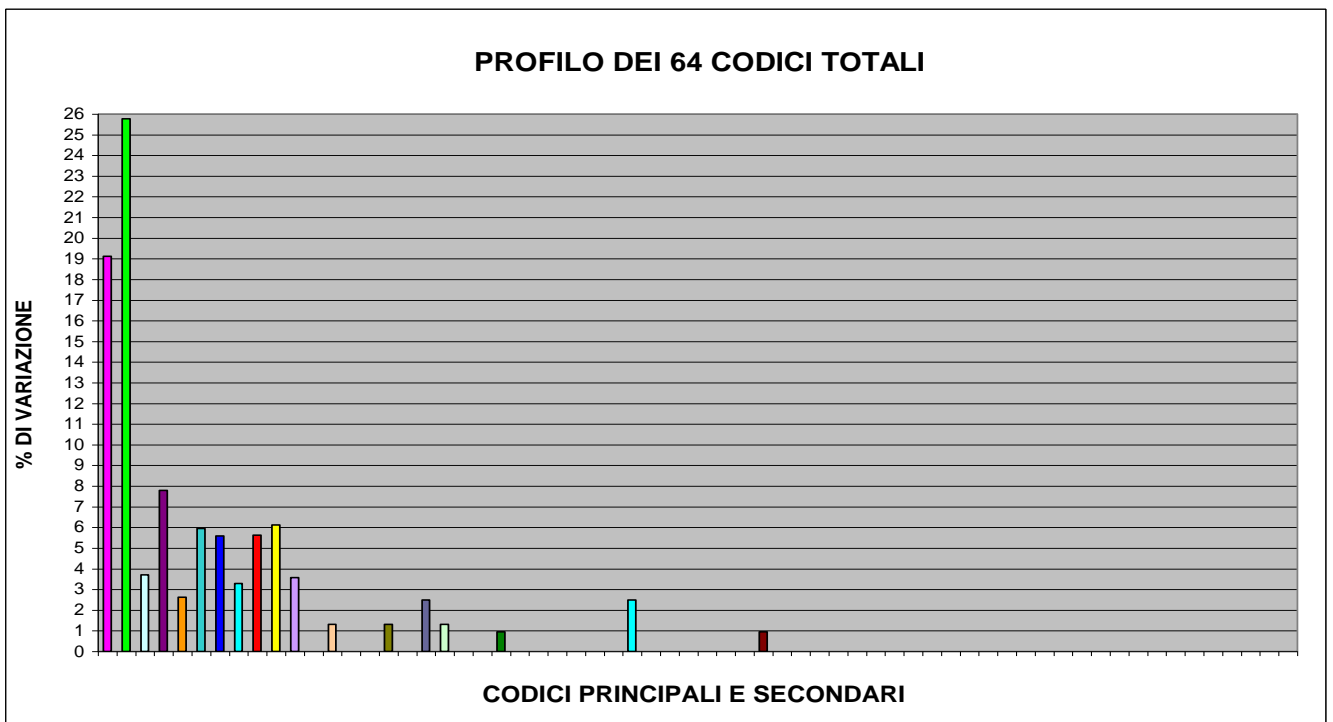


Fig. 72 (B)

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 18/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 18/1**, SOLTANTO **OTTO BASI** (il **12,70%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

### 1.37 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 18/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 18/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

#### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 18/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 18/1)**

**Length = 63**

#### **Parametri della ricerca BLAST**

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

#### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 18/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 18/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 18/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 18/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 XM_024848591.1	<b>Aspergillus</b> steynii IBT 23096 hypothetical protein (P170DRAFT_433862), mRNA	41.0	41.0	42%	2.7	93%	<a href="#">XM_024848591.1</a>
2 AC117994.12	<b>Mus musculus</b> chromosome 6, clone RP23-25K2, complete sequence	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">AC117994.12</a>
3 AC156397.5	<b>Mus musculus</b> 6 BAC RP24-279P24 (Roswell Park Cancer Institute (C57BL/6J Male) Mouse BAC Library) complete sequence	41.0	41.0	50%	2.7	88%	<a href="#">AC156397.5</a>
4 CP036401.1	<b>Massilia</b> albidiflava strain DSM 17472 chromosome, complete genome	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP036401.1</a>
5 LR131932.1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 24	39.2	39.2	42%	9.5	93%	<a href="#">LR131932.1</a>
6 LR214929.1	<b>Schistosoma mansoni strain Puerto Rico</b> genome assembly, chromosome: 1	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">LR214929.1</a>
7 <b>CP025263.1</b>	<b>Pseudomonas</b> sp. S09G 359 chromosome	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">CP025263.1</a>
8 XM_019705589.1	PREDICTED: Aedes albopictus uncharacterized LOC109429599 (LOC109429599), mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_019705589.1</a>
9 XM_019681863.1	PREDICTED: Aedes albopictus uncharacterized LOC109408541 (LOC109408541), mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_019681863.1</a>
10 LT629734.1	Agrococcus carbonis strain DSM 22965 genome assembly, chromosome: I	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LT629734.1</a>
11 CP013398.1	<b>Burkholderia</b> seminalis strain FL-5-4-10-S1-D7 chromosome 1, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP013398.1</a>
12 CP013730.1	<b>Burkholderia</b> cepacia JBK9 chromosome 1, complete sequence	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">CP013730.1</a>
13 HE601624.1	<b>Schistosoma mansoni strain Puerto Rico</b> chromosome 1, complete genome	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">HE601624.1</a>
14 CP000712.1	<b>Pseudomonas</b> putida F1, complete genome	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">CP000712.1</a>



**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 18/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 18/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
2 Select seq <a href="#">AC117994.12</a>	<b>Mus musculus</b> chromosome 6, clone RP23-25K2, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_021152514.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-1 (LOC110286053), mRNA
3 Select seq <a href="#">AC156397.5</a>	<b>Mus musculus</b> 6 BAC RP24-279P24 (Roswell Park Cancer Institute (C57BL/6J Male) Mouse BAC Library) complete sequence	Select seq <a href="#">DQ250565.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 1 (Ins1) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">XM_021215010.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-1 (LOC110333420), mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008386.4</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin I (Ins1), mRNA
		Select seq <a href="#">BC145868.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:175755 IMAGE:40131171), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ479923.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> strain BTBR T+ tf/J insulin 1 precursor, gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AC163452.12</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-405C7, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC136710.8</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 19, clone RP23-35B13, complete sequence
		Select seq <a href="#">AC140320.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> BAC clone RP23-401C13 from chromosome 19, complete sequence
		Select seq <a href="#">BC098468.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin I, mRNA (cDNA clone MGC:107382 IMAGE:6432765), complete cds

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 18/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **“Specie degli Organismi in Comune”**:

Allineamenti Sequenza 18/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">AK148541.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> adult pancreas islet cells cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:C820020F18 product:insulin I, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007345.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810005L03 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">XM_021168754.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021168753.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	PREDICTED: <b>Mus caroli</b> insulin-2 (LOC110299132), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185084.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 3, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001185083.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_008387.5</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin II (Ins2), transcript variant 2, mRNA
		Select seq <a href="#">JN959239.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> targeted KO-first, conditional ready, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1a(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">JN951270.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> targeted non-conditional, lacZ-tagged mutant allele Ins2:tm1e(EUCOMM)Wtsi; transgenic
		Select seq <a href="#">BC145554.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:179126 IMAGE:9054118), complete cds

**Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 18/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":**

Allineamenti Sequenza 18/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">BC099934.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:107381 IMAGE:6432976), complete cds
		Select seq <a href="#">BC132650.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone MGC:164281 IMAGE:40130927), complete cds
		Select seq <a href="#">DQ250569.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus caroli</b> preproinsulin 2 (Ins2) gene, complete cds
		Select seq <a href="#">AK007612.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810027C14 product:INSULIN 2 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">AK007482.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> 10 day old male pancreas cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1810013J24 product:INSULIN 1 PRECURSOR, full insert sequence
		Select seq <a href="#">BC066208.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin II, mRNA (cDNA clone IMAGE:6436276)
		Select seq <a href="#">AC012382.14</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-92L23, complete sequence
		Select seq <a href="#">AY899305.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> proinsulin mRNA, complete cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">AC013548.13</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> chromosome 7, clone RP23-209O22, complete sequence
		Select seq <a href="#">AP003182.2</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> genomic DNA, chromosome 7 clone:B189M11, complete sequences

Confronto tra gli allineamenti della **Sequenza 18/1** e della **Sequenza della Catena A dell'Insulina** secondo il criterio delle **"Specie degli Organismi in Comune"**:

Allineamenti Sequenza 18/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
		Select seq <a href="#">GQ915612.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	<b>Mus musculus</b> insulin-2 precursor (Ins2) mRNA, partial cds, alternatively spliced
		Select seq <a href="#">XM_021204833.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_021204825.1</a> 1/1 6/1 8/1 10/1 13/1 17/1	PREDICTED: <b>Mus pahari</b> insulin-2 (LOC110326410), transcript variant X1, mRNA
5	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 24	Select seq <a href="#">LR131921.1</a> 4/1 6/1 7/1 16/1 19/1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">LR131917.1</a> 4/1 6/1 7/1 16/1 19/1	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 10
7	<b>Pseudomonas</b> sp. S09G 359 chromosome	Select seq <a href="#">CP026880.1</a> 1/1	<b>Pseudomonas</b> sp. LH1G9 chromosome, complete genome
14	<b>Pseudomonas putida</b> F1, complete genome	Select seq <a href="#">CP025263.1</a> 1/1	<b>Pseudomonas</b> sp. S09G 359 chromosome
		Select seq <a href="#">CP018420.1</a> 1/1	<b>Pseudomonas</b> veronii strain R02, complete genome
		Select seq <a href="#">LT599583.1</a> 1/1	<b>Pseudomonas</b> veronii 1YdBTEX2 genome assembly, chromosome: PVE_r1

**Analisi della  
Sequenza n° 19/1 della  
Catena A dell'Insulina**

### 1. 38 RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 19/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nella Fig. 73 (A e B) sono confrontati due **Profili degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 73 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi della **Catena A dell'Insulina**.

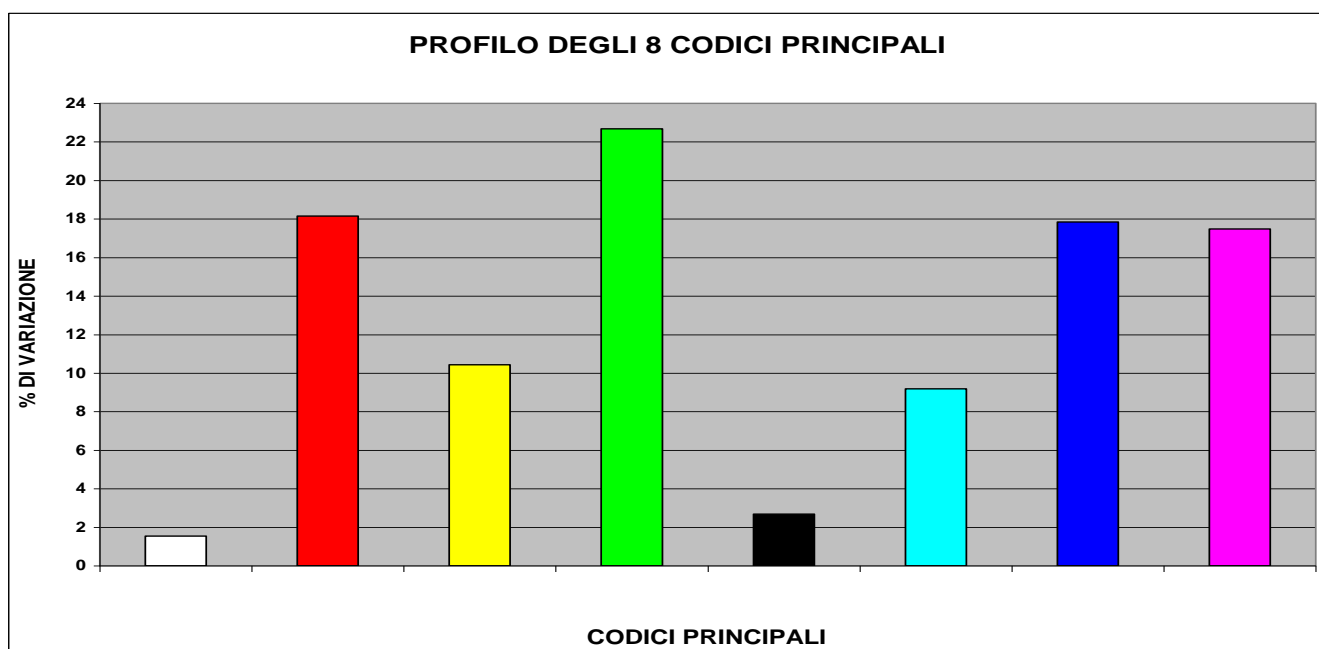


Fig. 73 (A)

Il grafico in Fig. 73 (B) si riferisce alla **diciannovesima "nuova sequenza generata"** (la **Sequenza n° 19/1**) da quella originaria.

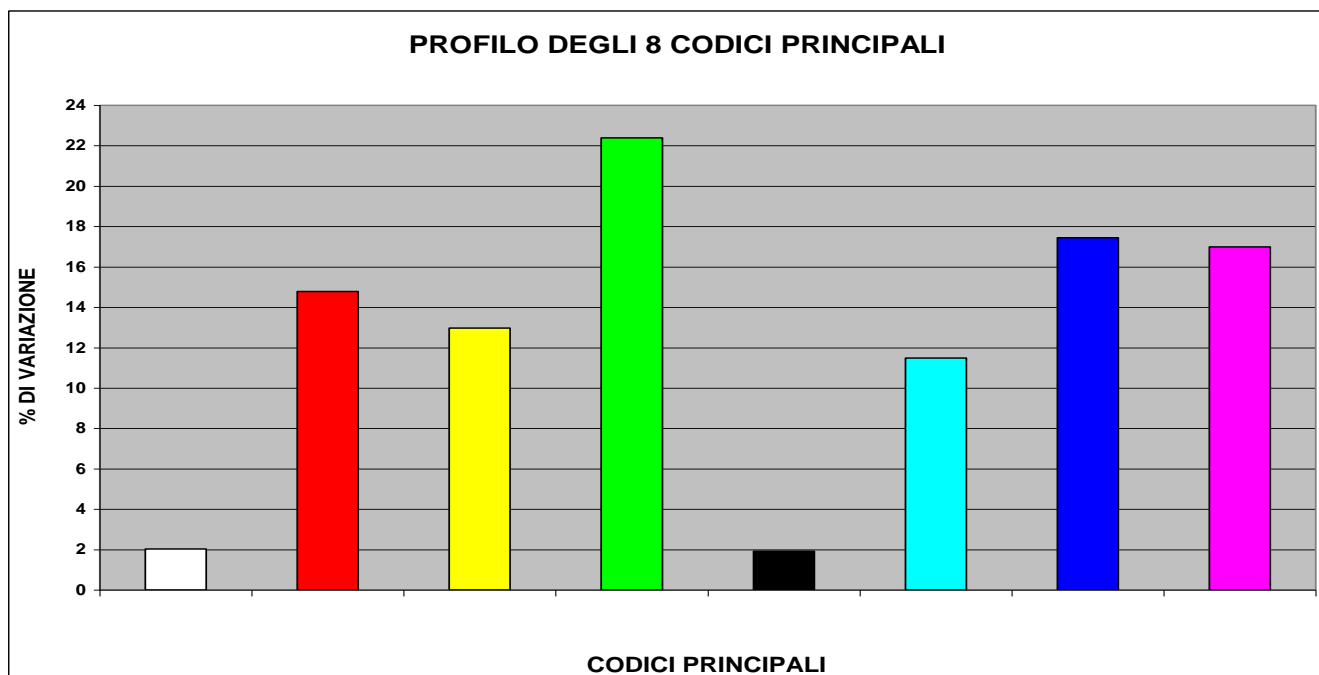
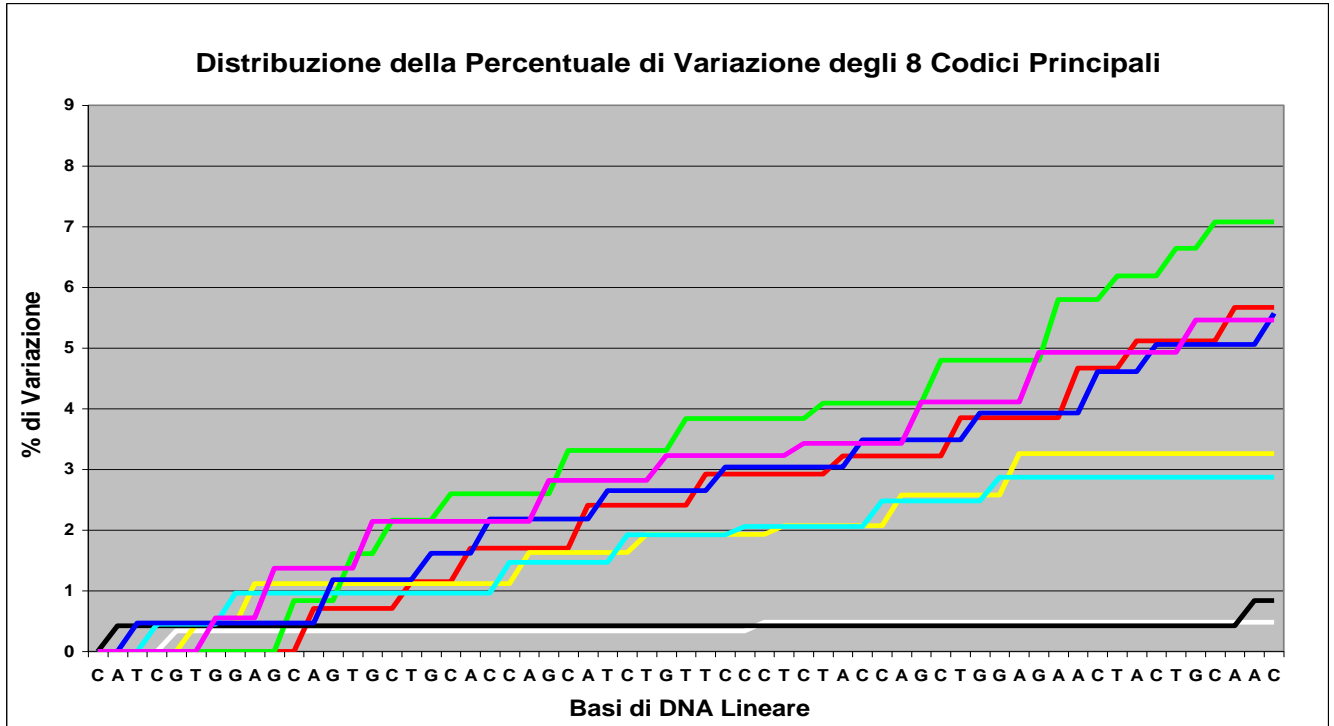


Fig. 73 (B)

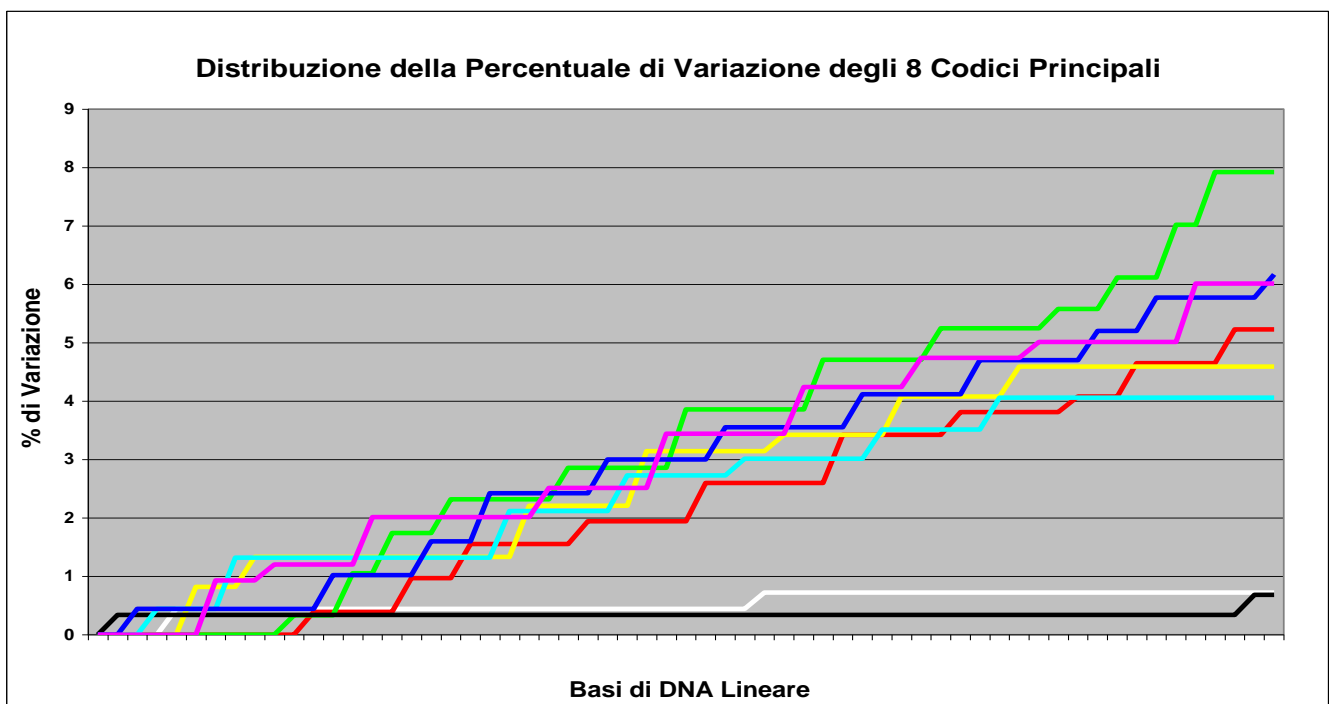
In Fig. 74 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alla **Distribuzione della Percentuale di Variazione degli 8 Codici Principali**.

Il grafico in Fig. 74 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 74 (A)**

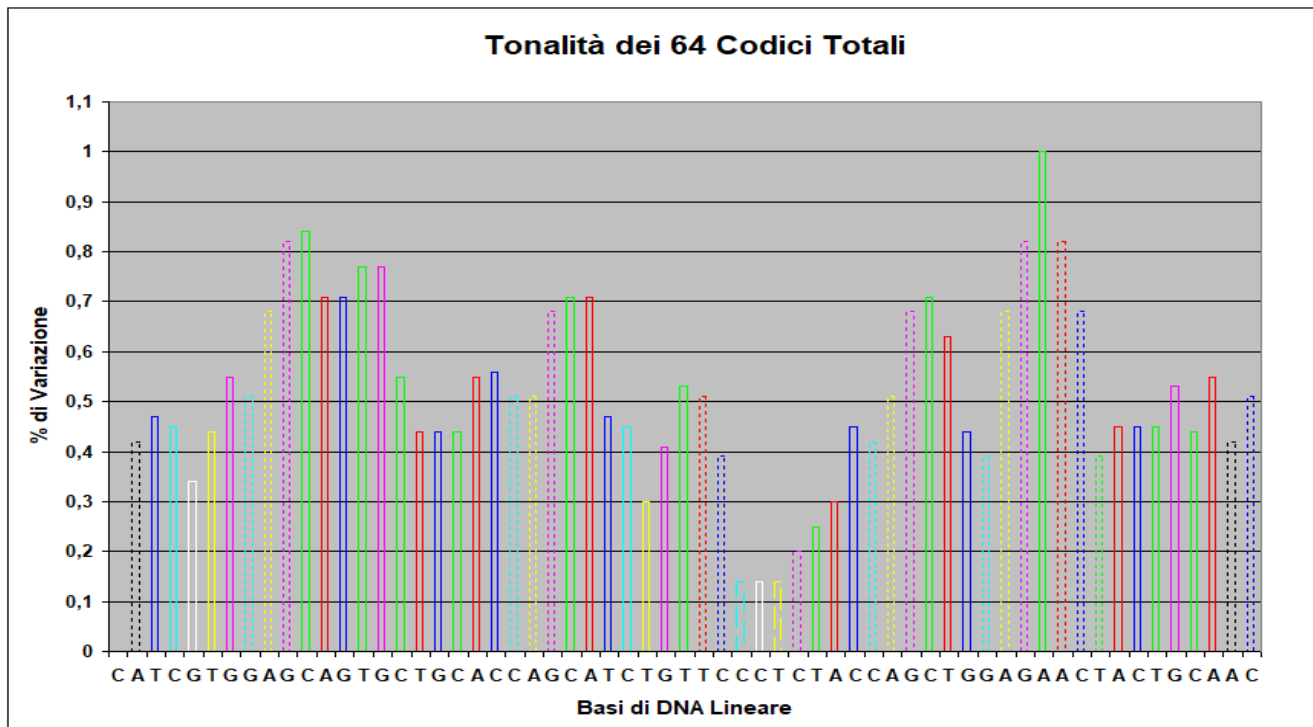
Il grafico in Fig. 74 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 74 (B)**

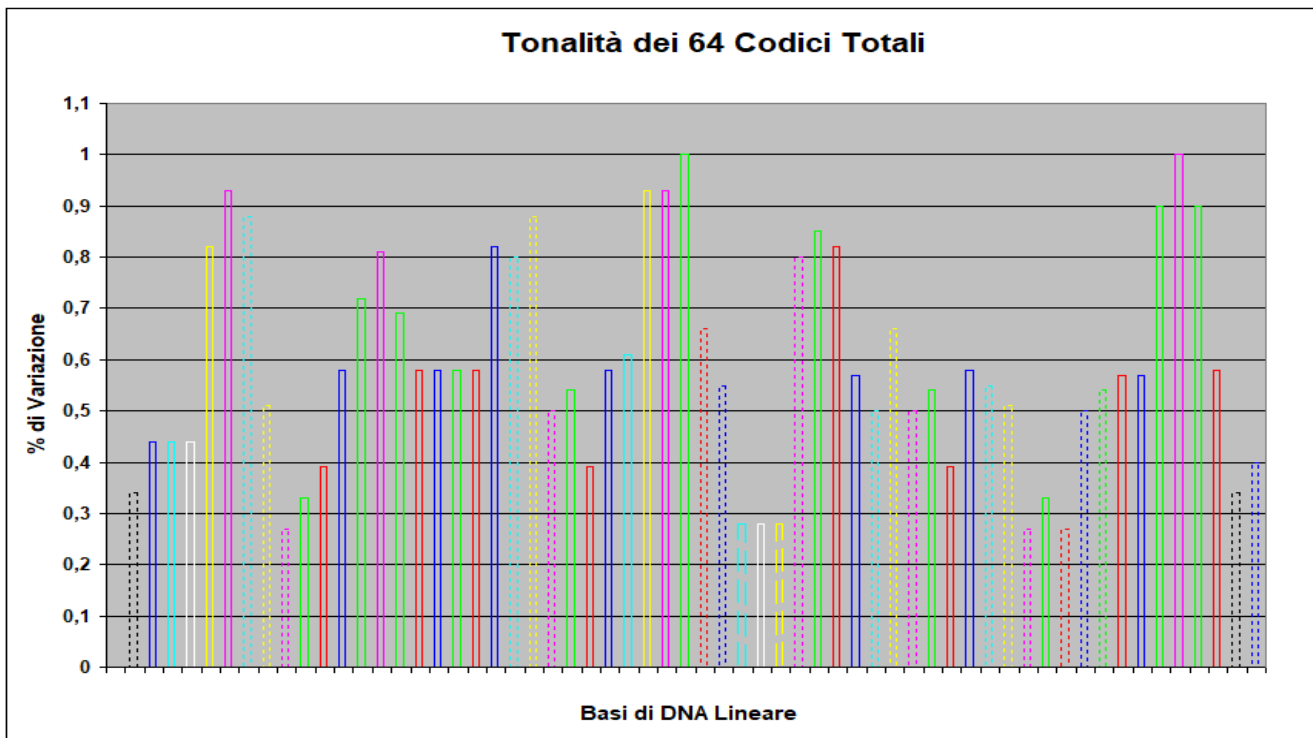
In Fig. 75 (A e B) sono confrontati due grafici relativi alle singole **Tonalità dei 64 Codici Totali**.

Il grafico in Fig. 75 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 75 (A)**

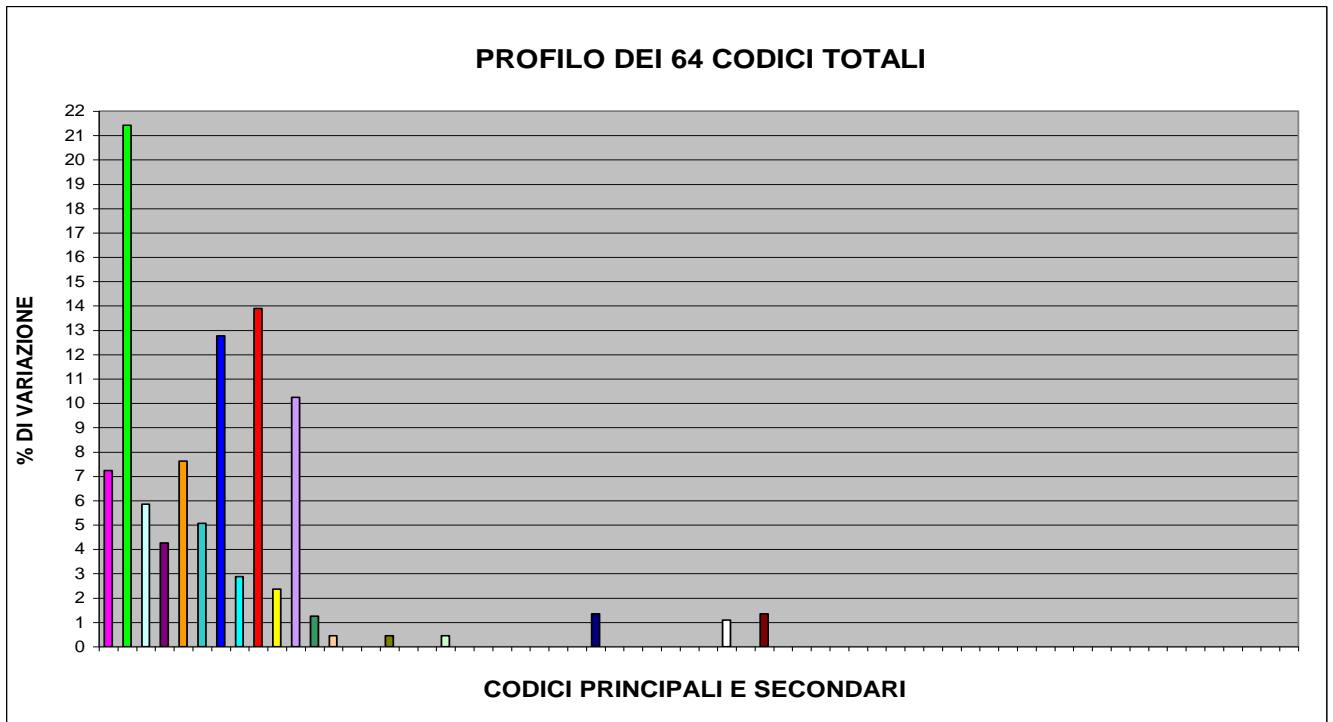
Il grafico in Fig. 75 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 75 (B)**

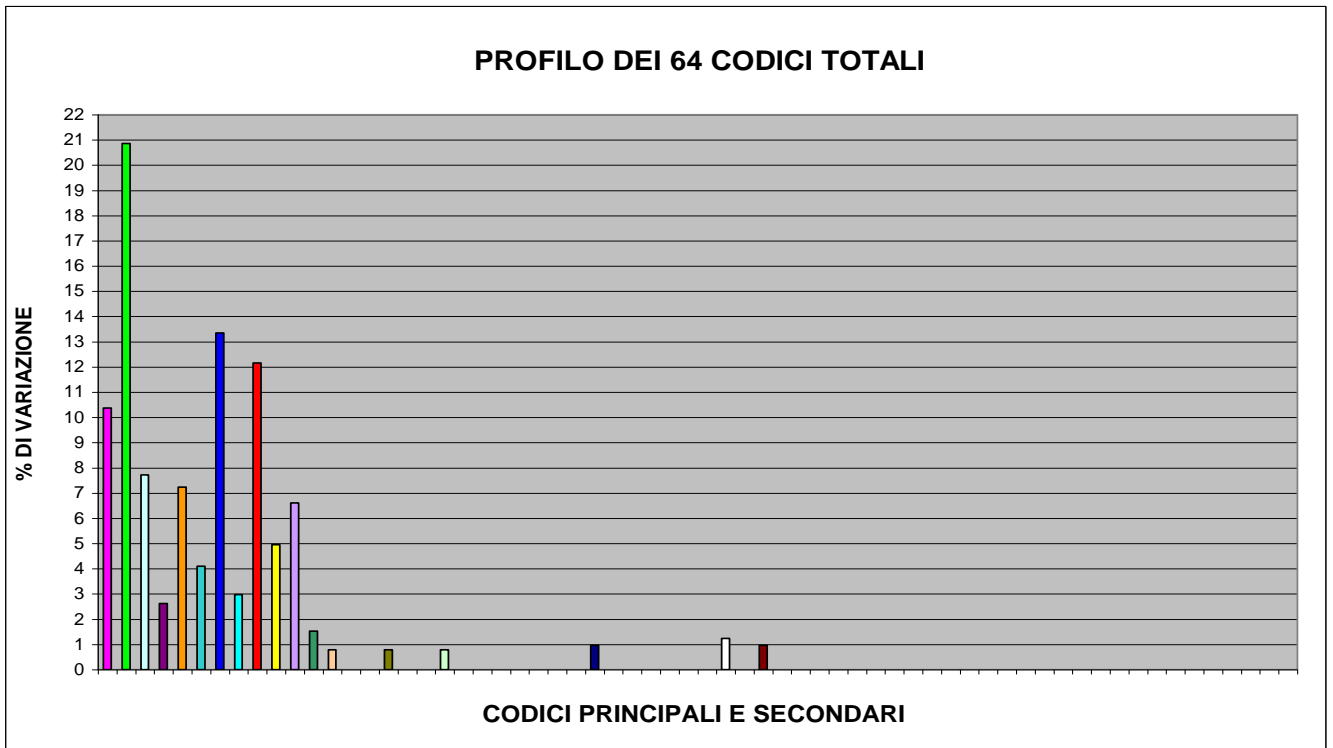


In Fig. 76 (A e B) sono confrontati due grafici relativi al **Profilo dei 64 Codici Totali**.  
 Il grafico in Fig. 76 (A) si riferisce alla **sequenza originaria** di basi precedentemente analizzata.



**Fig. 76 (A)**

Il grafico in Fig. 76 (B) si riferisce alla **“nuova sequenza generata”** da quella originaria.



**Fig. 76 (B)**

Dall'analisi (effettuata con la con la **T.T.E.S.**) del “trend non manifesto” della **Sequenza n° 19/1 della Catena A dell'Insulina** si ottengono **confronti tra i diversi grafici** interpretabili nello stesso modo di come sono stati interpretati quelli dei “trend non manifesti” delle **Sequenze** analizzate nei paragrafi precedenti (**n° 1/1, n° 2/1, etc.**). Per non appesantire inutilmente la lettura di questo lavoro, si rimanda all'interpretazione dei **confronti tra i diversi grafici** presentati nel paragrafo 1.2 .

Prima di concludere il paragrafo, è bene notare che, delle **63** basi di DNA della **Sequenza n° 19/1**, SOLTANTO **NOVE BASI** (il **14,29%**), SONO UGUALI (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) A QUELLE DELLA SEQUENZA ORIGINARIA (**Catena A dell'Insulina**).

### 1.39 IMPLICAZIONI RELATIVE AI RISULTATI GRAFICI DELL'ANALISI DEL "TREND NON MANIFESTO" DELLA SEQUENZA n° 19/1 DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Le **63** basi di DNA della **nuova sequenza generata** (la **Sequenza n° 19/1**) da quella **originaria** sono state oggetto di ricerca *BLAST*.

#### Attenzione:

Le *informazioni totali sugli allineamenti significativi* prodotti dalla *ricerca BLAST* riguardo la **Sequenza n° 19/1** e le altre informazioni rilevanti ricavate da *GenBank* saranno pubblicate in **Appendice**, ovvero dopo la pubblicazione delle *Conclusioni generali*.

**Query = NUOVA SEQUENZA GENERATA (Sequenza n° 19/1)**

**Length = 63**

#### **Parametri della ricerca BLAST**

Programma	<i>Blastn</i>
Word size	<i>11</i>
Expect value	<i>10</i>
Hitlist size	<i>100</i>
Match/Mismatch scores	<i>2,-3</i>
Gapcosts	<i>5,2</i>
Low Complexity Filter	<i>Yes</i>
Filter string	<i>L;m;</i>
Genetic Code	<i>1</i>

#### Attenzione:

Sono stati evidenziati in **Rosso** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 19/1**.

Sono state evidenziati in **Verde** gli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina**, i risultati della ricerca BLAST effettuata sulla **Sequenza n° 19/1** e i risultati delle ricerche BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono stati evidenziati in **Blu** gli "organismi scoperti essere in comune" e "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 19/1** e i risultati della ricerca BLAST effettuata su **almeno un'altra** delle *19 nuove sequenze generate*.

Sono state evidenziate in **Giallo** "le denominazioni delle sequenze" (1/1, 2/1,...19/1) degli "organismi scoperti essere in comune" tra i risultati della ricerca Blast effettuata sulla **Catena A dell'Insulina** e i risultati delle ricerche BLAST effettuate sulle *19 sequenze generate*.

## Sequenza n° 19/1

Sequences producing significant alignments:							
Selected seq	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
1 <a href="#">LR131921.1</a>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LR131921.1</a>
2 AC093141.2	<b>Felis catus</b> clone RP86-512F4, complete sequence	39.2	39.2	42%	9.5	93%	<a href="#">AC093141.2</a>

### Confronto tra gli allineamenti della Sequenza 19/1 e della Sequenza della Catena A dell'Insulina secondo il criterio delle "Specie degli Organismi in Comune":

Allineamenti Sequenza 19/1	Descrizione	Allineamenti Sequenza Catena A dell'Insulina	Descrizione
1 Select seq <a href="#">LR131921.1</a> <b>7/1</b>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14	Select seq <a href="#">LR131921.1</a> <b>4/1 6/1 7/1 16/1</b> <b>18/1</b>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 14
		Select seq <a href="#">LR131917.1</a> <b>4/1 6/1 7/1 16/1</b> <b>18/1</b>	<b>Cottoperca gobio</b> genome assembly, chromosome: 10
2 Select seq <a href="#">AC093141.2</a>	<b>Felis catus</b> clone RP86-512F4, complete sequence	Select seq <a href="#">XM_019811180.2</a>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin (INS), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">NM_001009272.1</a>	<b>Felis catus</b> insulin (INS), mRNA
		Select seq <a href="#">AY986822.1</a>	<b>Felis catus</b> preproinsulin mRNA, partial cds
		Select seq <a href="#">XM_023240193.1</a>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X2, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_023240192.1</a>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X1, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_019812848.1</a>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X4, mRNA
		Select seq <a href="#">XM_019812847.1</a>	PREDICTED: <b>Felis catus</b> insulin like growth factor 2 (IGF2), transcript variant X3, mRNA

**Percentuali e Numero di Basi in Comune  
tra tutte le Sequenze Analizzate  
della Catena A dell'Insulina**

## 1.40 PERCENTUALI E NUMERO DI BASI IN COMUNE (PER TIPOLOGIA E PER POSIZIONE ASSUNTA NELLA SEQUENZA) TRA TUTTE LE SEQUENZE ANALIZZATE DELLA CATENA A DELL'INSULINA

Nelle **19 Tabelle** che seguono sono presentate le **Percentuali** e il **Numero di Basi in Comune** (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) tra tutte le Sequenze Analizzate della Catena A dell'Insulina.

Nella **prima riga delle Tabelle** sono indicati i **nomi** delle diverse sequenze di basi, da quella Originaria (**Orig.**, la Catena A dell'Insulina) alla diciannovesima. Il primo nome indicato in alto a sinistra, quello evidenziato in **Verde**, corrisponde al nome della sequenza che è confrontata con tutte le altre.

Nella **seconda riga delle Tabelle** sono indicate le **Percentuali del Numero di Basi in Comune (% Basi)** tra la sequenza indicata in alto a sinistra (in **Verde**) e ognuna delle altre sequenze.

Nella **Terza riga delle Tabelle** sono indicate il **Numero di Basi in Comune (N° Basi)** tra la sequenza indicata in alto a sinistra (in **Verde**) e ognuna delle altre sequenze.

Infine, i numeri evidenziati in **rosso** indicano, rispettivamente, le **più alte % di Basi** e il **più alto Numero di Basi in Comune** tra la sequenza indicata in alto a sinistra (in **Verde**) e ognuna delle altre sequenze; al contrario, i numeri evidenziati in **blu** indicano, rispettivamente, le **più basse % di Basi** e il **più basso Numero di Basi in Comune** tra la sequenza indicata in alto a sinistra (in **Verde**) e ognuna delle altre sequenze.

<b>ORIG.</b>	1/1	2/1	3/1	4/1	5/1	6/1	7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	22,22	22,22	25,40	<b>26,98</b>	22,22	<b>26,98</b>	22,22	17,46	17,46	19,05	15,87	15,87	25,40	<b>12,70</b>	15,87	17,46	17,46	<b>12,70</b>	14,29
N° Basi	14	14	16	<b>17</b>	14	<b>17</b>	14	11	11	12	10	10	16	<b>8</b>	10	11	11	<b>8</b>	9

Tabella 1

<b>1/1</b>	2/1	3/1	4/1	5/1	6/1	7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	<b>69,84</b>	9,52	<b>4,76</b>	33,33	22,22	34,92	20,63	20,63	17,46	28,57	23,81	25,40	25,40	38,10	20,63	26,98	33,33	39,68
N° Basi	<b>44</b>	6	<b>3</b>	21	14	22	13	13	11	18	15	16	16	24	13	17	21	25

Tabella 2

<b>2/1</b>	3/1	4/1	5/1	6/1	7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	7,94	4,76	30,16	25,40	31,75	26,98	25,40	23,81	28,57	22,22	30,16	33,33	36,51	19,05	31,75	36,51	34,92
N° Basi	5	3	19	16	20	17	16	15	18	14	19	21	23	12	20	23	22

Tabella 3

<b>3/1</b>	4/1	5/1	6/1	7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	71,43	19,05	15,87	19,05	19,05	41,27	31,75	22,22	30,16	34,92	36,51	15,87	28,57	17,46	15,87	17,46
N° Basi	45	12	10	12	12	26	20	14	19	22	23	10	18	11	10	11

Tabella 4

<b>4/1</b>	5/1	6/1	7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	19,05	25,40	22,22	23,81	39,68	22,22	20,63	30,16	28,57	33,33	17,46	42,86	19,05	12,70	17,46
N° Basi	12	16	14	15	25	14	13	19	18	21	11	27	12	8	11

Tabella 5

<b>5/1</b>	6/1	7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	6,35	25,40	4,76	31,75	36,51	22,22	36,51	33,33	30,16	17,46	26,98	20,63	12,70	26,98
N° Basi	4	16	3	20	23	14	23	21	19	11	17	13	8	17

Tabella 6

6/1	7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	47,62	85,71	25,40	22,22	30,16	28,57	20,63	23,81	34,92	23,81	36,51	33,33	41,27
N° Basi	30	54	16	14	19	18	13	15	22	15	23	21	26

Tabella 7

7/1	8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	34,92	41,27	15,87	30,16	20,63	6,35	41,27	17,46	52,38	17,46	15,87	88,89
N° Basi	22	26	10	19	13	4	26	11	33	11	10	56

Tabella 8

8/1	9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	20,63	19,05	33,33	25,40	20,63	25,40	31,75	19,05	46,03	38,10	31,75
N° Basi	13	12	21	16	13	16	20	12	29	24	20

Tabella 9

9/1	10/1	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	12,70	42,86	14,29	6,35	88,89	4,76	46,03	11,11	6,35	41,27
N° Basi	8	27	9	4	56	3	29	7	4	26

Tabella 10



<b>10/1</b>	11/1	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	7,94	84,13	25,40	12,70	49,21	11,11	30,16	44,44	9,52
N° Basi	5	53	16	8	31	7	19	28	6

Tabella 11

<b>11/1</b>	12/1	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	3,17	14,29	50,79	14,29	49,21	12,70	22,22	36,51
N° Basi	2	9	32	9	31	8	14	23

Tabella 12

<b>12/1</b>	13/1	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	20,63	11,11	53,97	11,11	34,92	46,03	9,52
N° Basi	13	7	34	7	22	29	6

Tabella 13

<b>13/1</b>	14/1	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	6,35	34,92	11,11	31,75	30,16	4,76
N° Basi	4	22	7	20	19	3

Tabella 14

<b>14/1</b>	15/1	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	1,59	44,44	15,87	11,11	44,44
N° Basi	1	28	10	7	28

Tabella 15

<b>15/1</b>	16/1	17/1	18/1	19/1
% Basi	7,94	19,05	88,89	12,70
N° Basi	5	12	56	8

Tabella 16

<b>16/1</b>	17/1	18/1	19/1
% Basi	6,35	9,52	53,97
N° Basi	4	6	34

Tabella 17

<b>17/1</b>	18/1	19/1
% Basi	25,40	15,87
N° Basi	16	10

Tabella 18

<b>18/1</b>	19/1
% Basi	14,29
N° Basi	9

Tabella 19

## **Discussione dei Risultati, Chiarimenti e Conclusioni**

## 1.41 DISCUSSIONE GENERALE DEI RISULTATI

Lo scopo principale di questo Capitolo è stato quello di presentare i risultati dell'*Analisi* (realizzata con l'uso della **Teoria Tricromatica dell'Equilibrio dei Sistemi**) di **19 Nuove Sequenze** di Basi di DNA generate dalla **Catena A dell'Insulina** (*Sequenza Originaria*).

Queste **19 nuove sequenze** sono costituite da basi quasi totalmente differenti da quelle della **sequenza originaria**.

I risultati dimostrano che le **19 nuove sequenze** hanno **solo** un minimo di 12,70 % e un massimo di 26,98 % di basi in comune con la **sequenza originaria** (si vedano le 19 Tabelle presentate nel paragrafo 1.40 di questo Capitolo).

Questo primo risultato indica chiaramente che le basi di DNA delle 19 nuove sequenze differiscono (per tipologia e per posizione assunta nella sequenza) per almeno il 73,02 % da quelle della sequenza originaria.

Da questo risultato si dovrebbe concludere che le **19 nuove sequenze** abbiano molto poco, o pressoché nulla, a che fare con le caratteristiche della **sequenza originaria**.

Nonostante le indubbie differenze accertate, abbiamo ipotizzato che le **19 nuove sequenze**, in quanto generate rispettando fedelmente **19** specifici "trend non manifesti" della sequenza originaria, **abbiano comunque forti relazioni con le caratteristiche della sequenza originaria**.

A tal proposito, sono state effettuate **19** specifiche ricerche **BLAST** (*Basic Local Alignment Search Tool*) sulle **19 nuove sequenze** e sono stati presentati i risultati di **tutti gli allineamenti significativi** ottenuti.

Dal nostro punto di vista, ogni *organismo* identificato da un allineamento significativo con le **19 nuove sequenze generate**, dovrebbe essere in qualche modo connesso:

- 1) con la **sequenza originale** (la **Catena dell'Insulina**);
- 2) agli *organismi* che sono stati identificati grazie alla ricerca Blast eseguita sulla **Catena A dell'Insulina**;
- 3) e, in parte, anche agli altri *organismi* per i quali sono stati identificati allineamenti significativi con le **19 nuove sequenze generate**.

I risultati ottenuti dall'analisi degli allineamenti della **sequenza originaria** e di quelli ottenuti dalle **19 nuove sequenze generate** dimostrano la presenza di un numero rilevante di *organismi* in **comune**. Sono stati individuati *organismi* in **comune** sia tra quelli relativi alla **Catena A dell'Insulina** e quelli riguardanti le **19 nuove sequenze generate**, sia tra gli *organismi* individuati dalle stesse **19 nuove sequenze generate**. Per un'analisi dettagliata di questi *organismi* in comune rimandiamo ai paragrafi che trattano in maniera specifica gli allineamenti identificati per le diverse sequenze.

Qui ci interessa sottolineare che alcuni *organismi* identificati, sia con gli allineamenti della sequenza della **Catena A dell'Insulina**, sia con quelli delle **19 nuove sequenze generate**, hanno anche in comune le stesse identiche sequenze.

Riportiamo qui di seguito i **tre organismi** identificati e le loro **rispettive sequenze**.

1) **Cottoperca gobio**. Sequenza [LR131921.1](#):

LR131921.1	Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 14	55.4	55.4	100%	1e-04	81%	<a href="#">LR131921.1</a>
4/1 6/1 7/1							
16/1 18/1							
19/1							
1	Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 14	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LR131921.1</a>
LR131921.1							
1	Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 14	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LR131921.1</a>
LR131921.1							

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina**, sulla **Sequenza n° 7/1** e sulla **Sequenza n° 19/1**.

La **Catena A dell'Insulina** ha in comune con la **Sequenza n° 7/1** il **22,22 %** di Basi (14 Basi), mentre con la **Sequenza n° 19/1** solo il **14,29 %** di Basi (9 Basi).

La **Sequenza n° 7/1** e la **Sequenza n° 19/1** hanno invece la percentuale più elevata di Basi in comune osservata, cioè l'**89,89 %** (56 Basi).

2) **Anabas Testudineus**. Sequenza [LR132049.1](#):

LR132049.1	Anabas testudineus genome assembly, chromosome: 19	42.8	42.8	69%	0.74	82%	<a href="#">LR132049.1</a>
15/1							
7	Anabas testudineus genome assembly, chromosome: 19	40.1	40.1	38%	9.5	96%	<a href="#">LR132049.1</a>
LR132049.1							

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina** e sulla **Sequenza n° 15/1**.

La **Catena A dell'Insulina** ha in comune con la **Sequenza n° 15/1** solo il **15,87 %** di Basi (10 Basi).

### 3) *Pseudomonas* sp. S09G 359. Sequenza [CP025263.1](#):

CP025263.1 1/1 18/1	<i>Pseudomonas</i> chromosome	sp. S09G 359	41.9	41.9	41%	2.6	96%	<a href="#">CP025263.1</a>
7 CP025263.1	<i>Pseudomonas</i> chromosome	sp. S09G 359	39. 2	39. 2	33 %	9.5	100%	<a href="#">CP025263.1</a>

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina** e sulla **Sequenza n° 18/1**.

La **Catena A dell'Insulina** ha in comune con la **Sequenza n° 18/1** la percentuale più bassa di Basi osservata, cioè il **12,70 %** (8 Basi).

Anche diversi *organismi*, identificati con gli allineamenti delle **19 nuove sequenze generate**, hanno in comune le stesse identiche sequenze.

Riportiamo qui di seguito i **nove organismi** identificati e le loro **rispettive sequenze**.

#### 1) *Bos mutus*. Sequenza [CP027087.1](#):

8 4/1 CP027087.1	<i>Bos mutus isolate yakQH1</i> chromosome 19		39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">CP027087.1</a>
19 3/1 CP027087.1	<i>Bos mutus isolate yakQH1</i> chromosome 19		40.1	40.1	46%	9.0	90%	<a href="#">CP027087.1</a>

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 3/1** e **n° 4/1**.

La **Sequenza n° 3/1** e la **Sequenza n° 4/1** hanno una percentuale considerevole di Basi in comune, cioè il **71,43 %** (45 Basi).

#### 2) *Solanum lycopersicum*. Sequenza [CP023759.1](#):

8 8/1 CP023759.1	<i>Solanum lycopersicum cultivar I-3</i> chromosome 3		41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">CP023759.1</a>
13 4/1 CP023759.1	<i>Solanum lycopersicum cultivar I-3</i> chromosome 3		40.1	40.1	53%	9.5	85%	<a href="#">CP023759.1</a>

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 4/1** e **n° 8/1**.

La **Sequenza n° 4/1** e la **Sequenza n° 8/1** hanno solo il **23,81 %** di Basi in comune (15 Basi).

### 3) *Solanum lycopersicum*. Sequenza [HG975515.1](#):

14	<a href="#">8/1</a> <a href="#">HG975515.1</a>	<a href="#">Solanum lycopersicum chromosome ch03, complete genome</a>	41.0	41.0	52%	2.6	88%	<a href="#">HG975515.1</a>
16	<a href="#">4/1</a> <a href="#">HG975515.1</a>	<a href="#">Solanum lycopersicum chromosome ch03, complete genome</a>	40.1	40.1	53%	9.5	85%	<a href="#">HG975515.1</a>

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 4/1 e n° 8/1**.

Come è stato già detto, queste sequenze hanno in comune solo il **23,81 %** di Basi (15 Basi).

### 4) *Cottoperca gobio*. Sequenza [LR131937.1](#):

25	<a href="#">6/1</a> <a href="#">LR131937.1</a>	<a href="#">Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 7</a>	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">LR131937.1</a>
9	<a href="#">4/1</a> <a href="#">LR131937.1</a>	<a href="#">Cottoperca gobio genome assembly, chromosome: 7</a>	42.8	42.8	52%	0.77	88%	<a href="#">LR131937.1</a>

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 4/1 e n° 6/1**.

La **Sequenza n° 4/1** e la **Sequenza n° 6/1** hanno solo il **25,40 %** di Basi in comune (16 Basi).

### 5) *Dromaius novaehollandiae*. Sequenza [XM\\_026120534.1](#):

8	<a href="#">14/1</a> <a href="#">XM_026120534.1</a>	<a href="#">PREDICTED: Dromaius novaehollandiae WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA</a>	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026120534.1</a>
5	<a href="#">9/1</a> <a href="#">XM_026120534.1</a>	<a href="#">PREDICTED: Dromaius novaehollandiae WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA</a>	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026120534.1</a>

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 9/1 e n° 14/1**.

La **Sequenza n° 9/1** e la **Sequenza n° 14/1** hanno invece la percentuale più elevata di Basi in comune osservata, cioè l'**89,89 %** (56 Basi).

## 6) *Nothoprocta perdicaria*. Sequenza [XM\\_026048985.1](#):

9		PREDICTED: <i>Nothoprocta perdicaria</i> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026048985.1</a>
<a href="#">14/1</a>								
<a href="#">XM_026048985.1</a>								
6		PREDICTED: <i>Nothoprocta perdicaria</i> WD repeat domain 24 (WDR24), mRNA	39.2	39.2	60%	9.5	84%	<a href="#">XM_026048985.1</a>
<a href="#">9/1</a>								
<a href="#">XM_026048985.1</a>								

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 9/1 e n° 14/1**.

Come è stato già detto, queste sequenze hanno in comune l'**89,89 %** di Basi (56 Basi).

## 7) *Leishmania mexicana*. Sequenza [XM\\_003878010.1](#):

18		<i>Leishmania mexicana</i> MHOM/GT/2001/U1103 conserved hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_003878010.1</a>
<a href="#">5/1</a>	<a href="#">14/1</a>							
<a href="#">XM_003878010.1</a>								
10		<i>Leishmania mexicana</i> MHOM/GT/2001/U1103 conserved hypothetical protein partial mRNA	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">XM_003878010.1</a>
<a href="#">5/1</a>	<a href="#">9/1</a>							
<a href="#">XM_003878010.1</a>								

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 9/1 e n° 14/1**.

Come è stato già detto, queste sequenze hanno in comune l'**89,89 %** di Basi (56 Basi).

## 8) *Spirochaeta thermophila*. Sequenza [CP002903.1](#):

19		<i>Spirochaeta thermophila</i> DSM 6578, complete genome	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">CP002903.1</a>
<a href="#">9/1</a>								
<a href="#">CP002903.1</a>								
11		<i>Spirochaeta thermophila</i> DSM 6578, complete genome	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">CP002903.1</a>
<a href="#">14/1</a>								
<a href="#">CP002903.1</a>								

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 9/1 e n° 14/1**.

Come è stato già detto, queste sequenze hanno in comune l'**89,89 %** di Basi (56 Basi).



## 9) *Leishmania mexicana*. Sequenza [FR799584.1](#):

20		<i>Leishmania mexicana</i>							
<a href="#">5/1</a>	<a href="#">14/1</a>	MHOM/GT/2001/U1103 complete genome, chromosome 31	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">FR799584.1</a>	
<a href="#">FR799584.1</a>									
12		<i>Leishmania mexicana</i>							
<a href="#">5/1</a>	<a href="#">9/1</a>	MHOM/GT/2001/U1103 complete genome, chromosome 31	39.2	39.2	49%	9.5	87%	<a href="#">FR799584.1</a>	
<a href="#">FR799584.1</a>									

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 9/1 e n° 14/1**.

Come è stato già detto, queste sequenze hanno in comune l'**89,89 %** di Basi (56 Basi).

## 10) *Cercocebus atys*. Sequenza [XR\\_001013343.1](#):

20		PREDICTED: <i>Cercocebus atys</i>							
<a href="#">12/1</a>		pepsin A-like (LOC105581134), misc_RNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XR_001013343.1</a>	
<a href="#">XR_001013343.1</a>									
44		PREDICTED: <i>Cercocebus atys</i>							
<a href="#">10/1</a>		pepsin A-like (LOC105581134), misc_RNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XR_001013343.1</a>	
<a href="#">XR_001013343.1</a>									

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 10/1 e n° 12/1**.

La **Sequenza n° 10/1** e la **Sequenza n° 12/1** hanno una percentuale notevole di Basi in comune, cioè l'**84,13 %** (53 Basi).

## 11) *Ovis canadensis canadensis*. Sequenza [CP011906.1](#):

4		<i>Ovis canadensis canadensis</i> isolate 43U chromosome 21 sequence							
<a href="#">6/1</a>	<a href="#">17/1</a>		40.1	40.1	39%	9.5	96%	<a href="#">CP011906.1</a>	
<a href="#">CP011906.1</a>									
22		<i>Ovis canadensis canadensis</i> isolate 43U chromosome 21 sequence							
<a href="#">6/1</a>	<a href="#">14/1</a>		41.9	41.9	73%	2.7	80%	<a href="#">CP011906.1</a>	
<a href="#">CP011906.1</a>									

Questa sequenza è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulle **Sequenze n° 14/1 e n° 17/1**.

La **Sequenza n° 14/1** e la **Sequenza n° 17/1** hanno una percentuale bassissima di Basi in comune, cioè il **15,87 %** (10 Basi).

Un altro aspetto interessante che è utile riportare è la constatazione che, per alcuni *organismi*, i risultati ottenuti dall'analisi degli allineamenti delle **19 nuove sequenze generate** mostrano il coinvolgimento di più cromosomi.

Riportiamo qui di seguito, solo come esempi, gli *organismi* **Bos mutus** e **Cottoperca gobio**.

### 1) Bos Mutus:

Le *due sequenze* seguenti sono state identificate dalla ricerca Blast effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina**:

CP027097.1 3/1 4/1 8/1	Bos mutus isolate yakQH1 chromosome 29	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">CP027097.1</a>
XM_005903505.2 3/1 4/1 8/1	PREDICTED: Bos mutus insulin (LOC102274400), mRNA	87.8	87.8	100%	2e-14	90%	<a href="#">XM_005903505.2</a>

Le *tre sequenze* seguenti sono state identificate dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 3/1**:

8 4/1 CP027087.1	Bos mutus isolate yakQH1 chromosome 19	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">CP027087.1</a>
12 XM_014476435.1	PREDICTED: Bos mutus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X2, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_014476435.1</a>
13 XM_005889943.2	PREDICTED: Bos mutus phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant X1, mRNA	39.2	39.2	33%	9.5	100%	<a href="#">XM_005889943.2</a>

Le *due sequenze* seguenti sono state identificate dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 4/1**:

6 CP027084.1	Bos mutus isolate yakQH1 chromosome 16	41.0	41.0	42%	2.6	93%	<a href="#">CP027084.1</a>
19 3/1 CP027087.1	Bos mutus isolate yakQH1 chromosome 19	40.1	40.1	46%	9.0	90%	<a href="#">CP027087.1</a>

Quest'ultima *sequenza* è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 8/1**:

2	<b>Bos mutus isolate yakQH1</b>	41.9	41.9	39%	2.6	96%	<a href="#">CP027081.1</a>
CP027081.1	chromosome 13						

## 2) Cottoperca Gobio:

Le *due sequenze* seguenti sono state identificate dalla ricerca Blast effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina**:

<b>LR131921.1</b>	<b>Cottoperca gobio genome</b>	55.4	55.4	100%	1e-04	81%	<a href="#">LR131921.1</a>
<b>4/1 6/1 7/1</b>	assembly, chromosome:						
<b>16/1 18/1 19/1</b>	<b>14</b>						

LR131917.1	<b>Cottoperca gobio</b> genome	46.4	46.4	100%	0.061	78%	<a href="#">LR131917.1</a>
<b>4/1 6/1 7/1</b>	assembly, chromosome:						
<b>16/1 18/1 19/1</b>	10						

La *sequenza* seguente è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 4/1**:

25	<b>Cottoperca gobio genome</b>	39.2	39.2	41%	9.0	92%	<a href="#">LR131937.1</a>
<b>6/1</b>	assembly, chromosome: 7						
<b>LR131937.1</b>							

La *sequenza* seguente è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 6/1**:

9	<b>Cottoperca gobio genome</b>	42.8	42.8	52%	0.77	88%	<a href="#">LR131937.1</a>
<b>4/1</b>	assembly, chromosome: 7						
<b>LR131937.1</b>							

La *sequenza* seguente è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 7/1**:

1	<b>Cottoperca gobio genome</b>	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LR131921.1</a>
<b>LR131921.1</b>	assembly, chromosome: 14						

La *sequenza* seguente è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 16/1**:

4	<b>Cottoperca gobio</b> genome	41.0	41.0	58%	2.7	84%	<a href="#">LR131938.1</a>
LR131938.1	assembly, chromosome: 8						

La *sequenza* seguente è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 18/1**:

5	<b>Cottoperca gobio</b> genome	39.2	39.2	42%	9.5	93%	<a href="#">LR131932.1</a>
LR131932.1	assembly, chromosome: 24						

La *sequenza* seguente è stata identificata dalla ricerca Blast effettuata sulla **Sequenza n° 19/1**:

1	<b>Cottoperca gobio</b> genome	39.2	39.2	41%	9.5	92%	<a href="#">LR131921.1</a>
<b>LR131921.1</b>	<b>assembly, chromosome: 14</b>						

Prima di concludere, ancora un'ultima considerazione.

Dall'osservazione dell'**ordine di presentazione** degli allineamenti significativi identificati dalla ricerca Blast effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina**, si nota chiaramente come questo **ordine** riguardi spesso gli stessi organismi. Inoltre, tale **ordine** è anche **simile all'ordine** di diversi allineamenti significativi identificati dalla ricerca Blast effettuata sulle **19 nuove sequenze generate**.

Riportiamo qui di seguito un solo esempio per tutti, mentre lasciamo ai singoli ricercatori interessati l'onere di trovarne altri simili.

Le *cinque sequenze* seguenti, selezionate rispettando l'**ordine di presentazione**, sono state identificate dalla ricerca Blast effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina**:

XM_005351571.2 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Microtus ochrogaster</b> insulin (Ins), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_005351571.2</a>
XM_008160271.2	PREDICTED: Eptesicus fuscus insulin (LOC103303257), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_008160271.2</a>
XM_028118258.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Eumetopias jubatus</b> insulin (LOC114220406), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_028118258.1</a>
XM_027579931.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Zalophus californianus</b> insulin (INS), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_027579931.1</a>
XM_025879485.1 <b>1/1</b>	PREDICTED: <b>Callorhinus ursinus</b> insulin (LOC112829807), mRNA	96.9	96.9	100%	4e-17	94%	<a href="#">XM_025879485.1</a>

Lo schema presentato qui di seguito si riferisce all'ordine di presentazione di alcuni allineamenti della **Sequenza n° 1/1**.

Come si può osservare, **quattro** di queste **cinque** sequenze selezionate si riferiscono agli **stessi organismi** e sono poste nello stesso **ordine di presentazione** di quelle della sequenza della **Catena A dell'Insulina**:

6	PREDICTED: <b>Microtus ochrogaster</b> pecanex 2 (Pcnx2), transcript variant X2, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_026789982.1</a>
7	PREDICTED: <b>Microtus ochrogaster</b> pecanex 2 (Pcnx2), transcript variant X1, mRNA	40.1	40.1	49%	9.5	88%	<a href="#">XM_013345975.2</a>
8	PREDICTED: <b>Eumetopias jubatus</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_028095345.1</a>
9	PREDICTED: <b>Zalophus californianus</b> UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 9 (LOC113935781), transcript variant X5, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_027618249.1</a>
10	PREDICTED: <b>Zalophus californianus</b> UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 9 (LOC113935781), transcript variant X4, mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_027618248.1</a>
11	PREDICTED: <b>Callorhinus ursinus</b> TNFRSF1A associated via death domain (TRADD), mRNA	40.1	40.1	41%	9.5	93%	<a href="#">XM_025888785.1</a>

La rilevanza di questa osservazione appare più chiara se si considera che la **Catena A dell'Insulina** ha in comune con la **Sequenza n° 1/1** una percentuale di Basi **molto bassa**, cioè il **22,22 %** (14 Basi).

## 1.42 CHIARIMENTI E INTEGRAZIONI RIGUARDO L'ANALISI DEI RISULTATI DISCUSSI NEL CAPITOLO I° PARTE PRIMA

Prima di terminare questo capitolo, è necessario fare dei chiarimenti riguardo l'analisi dei risultati discussi nel Capitolo I° Parte Prima, capitolo nel quale, delle **19 nuove sequenze generate**, è stata analizzata solo la **Sequenza n°1/1**.

I risultati della ricerca BLAST sulla **Sequenza n°1/1** hanno evidenziato allineamenti significativi con il DNA (o RNA) di diversi *organismi*, tra cui con alcune specie di batteri **Pseudomonas** e con il nematoda **Heligmosomoides polygyrus**.

Esula dai nostri attuali interessi fare altre speculazioni e altre ricerche bibliografiche sulle relazioni tra queste **due** specie di *organismi* e l'*insulina* (chi fosse interessato alle nostre conclusioni è invitato a leggere interamente il Capitolo I° Parte Prima); tuttavia, riteniamo necessario fare alcune puntualizzazioni.

Riguardo il nematoda **Heligmosomoides polygyrus**, purtroppo le ricerche relative ai suoi allineamenti significativi sono state rimosse dall'archivio del National Center for Biotechnology Information (NCBI) per motivazioni a noi non note (per approfondimenti si vedano pag. 40 e pag. 191).

Possiamo solo aggiungere, a quello che è stato già detto nel Capitolo I° Parte Prima, che anche la **Sequenza n°12/1** evidenzia allineamenti significativi con **Heligmosomoides polygyrus** (si veda pag. 191).

Al contrario, riguardo il batterio **Pseudomonas**, sono utili alcune integrazioni alle conclusioni del Capitolo I° Parte Prima.

Nel Capitolo I° Parte Prima, i parametri stabiliti della ricerca BLAST, effettuata sulla sequenza della **Catena A dell'Insulina**, hanno considerato solo i primi **100** (Hitlist size **100**) allineamenti significativi.

Diversamente, nella nuova ricerca BLAST effettuata in questo Capitolo, gli allineamenti significativi sono stati estesi a **1000** (Hitlist size **1000**).

Da questa nuova ricerca BLAST risultano **849 sequenze** che evidenziano **allineamenti significativi** con la **Catena A dell'Insulina**.

Tra questi allineamenti significativi, **quattro** di essi si riferiscono al **batterio Pseudomonas**.

Al tempo della stesura del Capitolo I° Parte Prima non eravamo a conoscenza di tale informazione. Quindi, speculammo sulle possibili relazioni tra i batteri **Pseudomonas**, le caratteristiche della **Sequenza n°1/1** (da cui sono stati identificati gli allineamenti significativi con **Pseudomonas**) e l'**Insulina**.

Oggi sappiamo che, oltre la **Sequenza n°1/1**, anche la **Sequenza n°18/1** mostra allineamenti significativi con **Pseudomonas**.

Inoltre, uno dei due allineamenti significativi della **Sequenza n°18/1** (Select seq [CP025263.1](#), *Pseudomonas* sp. S09G 359 chromosome) è **identico** alla stessa sequenza di uno dei **quattro** allineamenti significativi della **Catena A dell'Insulina** con **Pseudomonas**.

Alla luce di queste nuove informazioni, ci sembra fondamentale sottolineare che, dei **quattro** allineamenti significativi della **Catena A dell'Insulina** con **Pseudomonas**, **due** di essi (di cui uno è quello in comune con la **Sequenza n°18/1**) si riferiscono a *bioprogetti* che hanno i seguenti obiettivi:

1) identificare cluster genetici tra pseudomonas i cui prodotti inibiscono i patogeni umani, non solo per il trattamento di pazienti con **Fibrosi Cistica**, ma anche per individui infetti da **patogeni MDR** (Select seq [CP025263.1](#); BioProject: [PRJNA419203](#));

2) identificare cluster di geni biosintetici all'interno di batteri ambientali i cui prodotti hanno dimostrato di inibire la crescita di questi patogeni resistenti multi-farmaco derivati dalla **Fibrosi Cistica** (Select seq: [CP026880.1](#); BioProject: [PRJNA433821](#)).

Seguono **due** dei **quattro** allineamenti significativi della **Catena A dell'Insulina** con **Pseudomonas**:

7 <a href="#">CP025263.1</a>	<b>Pseudomonas</b> sp. S09G 359 chromosome	41.9	41.9	41%	2.6	96%	<a href="#">CP025263.1</a>
CP026880.1 <b>1/1 18/1</b>	<b>Pseudomonas</b> sp. LH1G9 chromosome, complete genome	41.9	41.9	41%	2.6	96%	<a href="#">CP026880.1</a>

La *sequenza* seguente si riferisce, invece, a **uno** dei **due** allineamenti significativi della **Sequenza n° 18/1** con **Pseudomonas**:

7 <a href="#">CP025263.1</a>	<b>Pseudomonas</b> sp. S09G 359 chromosome	41.9	41.9	41%	2.6	96%	<a href="#">CP025263.1</a>
---------------------------------	---	------	------	-----	-----	-----	----------------------------

Da notare che, anche **due** dei **sei** allineamenti significativi della **Sequenza n° 1/1** (si vedano pag. 37 e seguenti) con **Pseudomonas** si riferiscono a *bioprogetti* che hanno come obiettivo quello di utilizzare *Pseudomonas* per facilitare la **scoperta di antibiotici** (Select seq: [CP026674.1](#) - BioProject: [PRJNA433544](#) ; Select seq: [CP026676.1](#) - BioProject: [PRJNA433544](#)).

Qui di seguito **due** dei **sei** allineamenti significativi della **Sequenza n° 1/1** con **Pseudomonas**:

33 CP026674.1	<b>Pseudomonas</b> sp. SWI44 chromosome, complete genome	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">CP026674.1</a>
34 CP026676.1	<b>Pseudomonas</b> sp. SWI6 chromosome, complete genome	39.2	39.2	57%	9.5	83%	<a href="#">CP026676.1</a>

In conclusione, i nuovi risultati ottenuti dagli allineamenti significativi che riguardano **Pseudomonas** sembrerebbero rinforzare ulteriormente l'ipotesi formulata nel Capitolo I° Parte Prima (a cui eravamo giunti anche con un'articolata **ricerca bibliografica**), ovvero l'ipotesi che l'**Insulina** (e, quindi, anche la **Catena A dell'Insulina**) è in vari modi *molto implicata con alcune caratteristiche* dei batteri **Pseudomonas** (allora identificati con la ricerca Blast eseguita sulla **Sequenza n°1/1**, mentre adesso anche con le ricerche Blast eseguite sulla **Sequenza n°18/1** e sulla stessa **Sequenza della Catena dell'Insulina**).

In particolare, si rimanda il lettore interessato alle considerazioni fatte nel Capitolo I° Parte Prima, soprattutto riguardo le possibili implicazioni dell'*Insulina* nella *Fibrosi Cistica* e nelle *Infezioni da Pseudomonas*.



## 1.43 CONCLUSIONI

Osservati nell'insieme, le probabilità che i risultati presentati possano essere attribuiti al caso sono veramente esigue (non sono state eseguite analisi specifiche perché ritenute, per l'ovvietà dei risultati, non necessarie).

I risultati confermano l'ipotesi della presenza di molti *organismi* in **comune** tra gli allineamenti significativi delle **19 nuove sequenze generate** e quelli della **Catena A dell'Insulina**.

Inoltre, inaspettamente, come si è visto nel paragrafo 1.41, è stata osservata anche la presenza di tre **sequenze identiche** tra gli allineamenti significativi delle **19 nuove sequenze generate** e quelli della **Catena A dell'Insulina**.

E' bene sottolineare che la percentuale di Basi in comune tra la **Catena A dell'Insulina** e le **sequenze identiche** identificate non ha superato il **22,22 %** (14 Basi). Si tratta quindi di sequenze con Basi quasi totalmente differenti.

I risultati confermano anche l'ipotesi della presenza di molti *organismi* in **comune** tra gli allineamenti significativi delle **19 nuove sequenze generate**.

E' stata osservata anche la presenza di **undici sequenze identiche** (corrispondenti a **nove** diversi *organismi*) tra gli allineamenti significativi delle **19 nuove sequenze generate**.

Anche se quest'ultimo risultato poteva essere in parte prevedibile per le sequenze che hanno una percentuale considerevole (compresa tra il **71,43** e l'**89,89 %**) di Basi in comune, lo è sicuramente molto meno quando la percentuale di Basi in comune è molto bassa (compresa tra il **15,87** e il **25,40 %**).

Infine, riguardo all'ipotesi che ogni *organismo*, in cui è stato trovato un allineamento significativo con le **19 nuove sequenze generate**, dovrebbe essere connesso, indirettamente o direttamente, con la **sequenza originale** (la **Catena A dell'Insulina**), essa dovrà essere indagata dai ricercatori interessati. In particolare dai ricercatori che hanno studiato e studiano, a diversi livelli, gli *organismi* e le *sequenze* che gli allineamenti significativi hanno identificato.

In conclusione, l'analisi (attraverso la **T.T.E.S.**) della *sequenza originaria* - basata su **19** dei suoi "trend non manifesti" (i **Trend n°1, n°2...n°19**) - e la creazione di **19 nuove sequenze** di DNA (le **Sequenze n°1/1, n°2/1,...n°19/1**) dai **19 Trend** della *sequenza originaria*, meritano ulteriori *studi specifici e approfondimenti bibliografici*.

L'**analisi comparata** di tutte le **sequenze** e degli "organismi" identificati dalla ricerca Blast condotta sulla **Catena A dell'Insulina** e dalla ricerca Blast effettuata sulle **19 nuove sequenze** apre la strada a una nuova prospettiva sulla ricerca genetica e sulle sue innumerevoli applicazioni.

# **FINE CAPITOLO I ° (Parte Seconda)**



**[www.ttesystems.eu](http://www.ttesystems.eu)**

**Corrispondenza: *nunzio.bonaventura@libero.it***

**13 Aprile 2019**