



CZĘŚĆ I

Wstęp teoretyczny + dyskusja (patrz **wymagane wiadomości**)

CZĘŚĆ II

Projekt

Firma bioinformatyczna **Silesia^{IN}Silico** otrzymała kolejne zlecenie od firmy zajmującej się produkcją leków przeciwko rakowi. Tym razem zadaniem każdego zespołu jest **ustalenie, czy posiadana sekwencja jest częścią genu**. W tym celu każdy zespół odszuka **otwarte ramki odczytu (ORF – open reading frame)** i przetłumaczy **sekwencję DNA na sekwencję aminokwasową na każdy możliwy sposób**. Każdy zespół posiada 1 fragment złożonej na wcześniejszym ćw. sekwencji DNA.

a)

1. Jakie informacje można odczytać z sekwencji DNA złożonej na poprzednim ćw.?
Dyskusja.
2. Proszę wypełnić otrzymany formularz zgodnie z zaleceniami prowadzącego. Najpierw proszę przeprowadzić transkrypcję na mRNA. Proszę pamiętać, że możliwe są 3 ramki odczytu. Czy sekwencja jest częścią genu?
3. Następnie proszę przeprowadzić translację na łańcuch aminokwasowy zgodnie z otrzymanym kodem genetycznym.
Dyskusja.
4. Proszę zaznaczyć wszystkie możliwe ORFy zgodnie z zaleceniami prowadzącego.
DYSKUSJA.
5. Porównanie sekwencji z sekwencją kontrolną.

DŁUGA DYSKUSJA. Pytania dotyczące min.: różnic między sekwencjami DNA, sekwencjami aminokwasowymi. Jakie mutacje w posiadanej sekwencji DNA miałyby największy wpływ na na białko?

b)

1. Proszę zalogować się do środowiska MS Windows XP przez klienta Nowell NetWare.
2. Prezentacja możliwości programu BioEdit w poszukiwaniu ORFów.
Uwagi.
Pojęcie **otwartej ramki odczytu** musi być zrozumiane przed rozpoczęciem pracy z programem.

DYSKUSJA**Wymagane wiadomości:**

- DNA → transkrypcja → hnRNA → dojrzewanie → mRNA → translacja → łańcuch aminokwasowy
- Kod genetyczny
- Podstawowe różnice między DNA i RNA
- Podstawowe wiadomości o aminokwasach (nazewnictwo, właściwości)