



Projekt

Kolejnym zleceniem dla firmy **Silesia^{IN}Silico** jest porównanie sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych w poszukiwaniu różnic między nimi. Rola dwuosobowych zespołów polegać będzie na **przyrównywaniu sekwencji (sequence alignment)**.

a)

Przed zajęciami proszę zapoznać się ze stroną
<http://bscs.org/pages/curriculumdevelopment/onco/default.htm>

b)

1. Proszę zalogować się na swoje konto i otworzyć wyżej wspomnianą stronę. Proszę przejść do „Sequencing Department”, a następnie do „Sequencing protocols”.
2. W katalogu cw3 na dysku H:\ w zwykłym pliku tekstowym zapisać odpowiedzi na poniższe pytania:
 - Jak są reprezentowane poszczególne pary zasad?
 - Jak różnią się heterozygoty od homozygot?
 - Jak oznaczone są niezidentyfikowane pary zasad? Podejmij próbę identyfikacji tych zasad. Wyniki zapisz. Czy i jak można pozbyć się liter „N”?
3. Przejdź do: „Sequencing Department” i potem do „OncoX Project” - przejrzyj wszystkie 11 sekwencji. Zapisz swoją sekwencję w pliku zgodnie ze wskazówkami prowadzącego.
DYSKUSJA.

c)

1. Proszę przejść do „Bioinformatics Department”.
2. Proszę porównać sekwencje DNA i aminokwasów zgodnie ze wskazaniem prowadzącego.
3. Różnice proszę zapisać do pliku. Proszę pamiętać o cichych mutacjach, heterozygotach, itd.

DYSKUSJA

Przeładowanie osowienie różnic między badanymi sekwencjami DNA i aminokwasów.
Pytania.

d)

Porównywanie badanych sekwencji przy użyciu programu ClustalX

DYSKUSJA

Czy programowe porównywanie sekwencji ma przewagę nad ręcznym?

Wymagane wiadomości:

- Przepływ informacji genetycznej od sekwencji DNA do sekwencji aminokwasowej
- Kod genetyczny
- Nazwy aminokwasów (symbole jednoliterowe)
- Właściwości chemiczne aminokwasów (hydrofobowość, kwasowość, itd.)