



CZĘŚĆ I

Krótki wstęp teoretyczny

CZĘŚĆ II

Projekt

Pracujesz w jednym z dwuosobowych zespołów w firmie bioinformatycznej **Silesia^{IN}Silico**. Twoja firma otrzymała zlecenie od innej firmy zajmującej się produkcją leków przeciwko rakowi. Zadaniem każdego zespołu jest złożenie całej sekwencji (**contig sequence**) z otrzymanych fragmentów surowej sekwencji DNA (**raw sequence**). Każdy zespół posiada 6 fragmentów sekwencji badanej jednej osoby. Zespoły analizują dane pochodzące od różnych osób, wśród których są osobniki chore, ich rodziny oraz osobniki kontrolne (zdrowe i nie posiadające tzw. obciążenia genetycznego).

a)

1. Proszę zalogować się do środowiska MS Windows XP przez klienta Nowell NetWare.
2. Z otrzymanych fragmentów sekwencji proszę złożyć całą sekwencję (**contig sequence**) wg zaleceń prowadzącego.

Pytania studentów i prowadzącego.

b)

1. Proszę utworzyć katalog **cw01** na dysku **H:**
2. Proszę zapisać sekwencję wynikową (contig) w swoim katalogu cw01 pod nazwa **contig01** jako **plik tekstowy ASCII**.
3. Po złożeniu sekwencji zespół posiadający sekwencję nr 1 (kontrolną) zapisuje ją na tablicy.
4. Następnie zespoły sprawdzają w jakich pozycjach sekwencja kontrolna różni się od posiadanej. Różnice zaznaczane są na tablicy. Zespoły porównują sekwencje między sobą
Dyskusja.

c) Prezentacja programu BioEdit

DYSKUSJA