

# Analiza Filogenetyczna 1

- Wstęp teoretyczny. Przedstawienie najważniejszych informacji związanych z filogenetyką molekularną.
  
- Sequence alignment
- 1. Dyskusja. Jakie informacje przechowują sekwencje kwasów nukleinowych? Do czego można je wykorzystać?
- 2. Proszę pobrać z publicznych baz danych sekwencję DNA **cytochromu b** dla: *Sus scrofa*, *Bos taurus*, *Pan troglodytes*, *Homo sapiens*, *Mus musculus*, *Rattus norvegicus*, *Rattus rattus*, *Mus domesticus*, *Canis lupus familiaris*, *Felis silvestris catus*, *Bos indicus*, *Bos grunniens*, *Bos javanicus*, *Drosophila mauritiana*, *Drosophila melanogaster*, *Ovis aries*
- 3. Czy wszystkie sekwencje zostały odnalezione w publicznych bazach danych?
- 4. Proszę zapisać każdy plik z sekwencją FASTA w podanym formacie: x-y-z.fasta – gdzie:
  - a. x – nazwa rodzajowa organizmu
  - b. y – nazwa gatunkowa
  - c. z – skrót genu (w naszym przypadku **cytb**)
- 5. W **każdym** pliku FASTA proszę zmienić nagłówek pliku tak, aby znajdowała się w nim nazwa rodzajowa i gatunkowa organizmu (patrz ćw. Podstawy Bioinformatyki).
- 6. Proszę wczytać do programu Clustal pobrane sekwencje (patrz ćw. Podstawy Bioinformatyki)
- 7. Proszę przyrównać wszystkie sekwencje (patrz ćw. Podstawy Bioinformatyki)
- 8. Proszę zinterpretować wynik
- 9. Dyskusja. Dlaczego przyrównujemy sekwencje? Co można zrobić z wynikiem przyrównania?
- 10. Pytania i dalsza dyskusja
  
- Wymagane wiadomości:
  1. Przypomnienie wiadomości z przedmiotów „Podstawy Bioinformatyki”, „Genetyka” oraz „Ewolucjonizm” dotyczących filogenetyki molekularnej, sekwencji DNA, analizy sekwencji, różnic pomiędzy organizmami, sekwencjami, itp.
  2. Zapoznanie się z działem genetyki: „Filogenetyka Molekularna” (np. Podręcznik T.A. Brown’a „Genomy”)
  3. Ogólna znajomość anatomii genomów (np.: egzon, intron, promotor, sekwencje powtarzające się, itp)