

PROJEKTY

A) Korzystając z poznanych na ćw. i wykładach baz danych:

1. Krótko opisz budowę i funkcję białka podanego w punkcie B
2. U ilu gatunków można było dane białko odnaleźć?
3. Porównaj sekwencję DNA u tych gatunków (bez drzewa filogenetycznego).

B) Sekwencje – każda dla innego zespołu (4 zespoły na grupę)

1. cyp21
2. p53
3. atp1
4. tcra
5. hoc
6. hox
7. nd2
8. atp4
9. nd1 (reduktaza NADH)
10. atp5b
11. pfk
12. cat (katalaza)
13. sdha (dehydrogenaza bursztynianowa)
14. pdhb (dehydrogenaza pirogronianowa)
15. pdc (dekarboksylaza pirogronianowa)
16. gcg (glukagon)

UWAGA: Biorąc do analiz sekwencje różnych gatunków należy uwzględnić ich podobieństwo funkcjonalne, bądź jego brak. Można też porównać sekwencje o podobnych nazwach i zdecydować, czy jest to to samo białko. W prezentacji należy zaznaczyć z jakich baz danych się korzystało. Nie należy zapomnieć o podawaniu numerów dostępu i wszelkich informacji ułatwiających odnalezienie badanej sekwencji i informacji z nią związanych. Maksymalna ilość porównywanych sekwencji to 20. W prezentacji należy określić: czy sekwencje są podobne, czy są rejony podobne, itd. - należy podać ogólną charakterystykę podobieństwa.

Projekty będą losowane na ćw. 19.04.10.