

Zadania do Wykładu 05:

Sekwencjonowanie DNA

Kornelia Polok

1. Sekwencjonowanie DNA

1.1. Poszukiwanie SNP w sekwencji DNA (3 punkty)

- Proszę wejść na stronę programu CLUSTAL omega dostarczonego przez EMBL: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>
- W otwartym oknie (Multiple Sequence Alignment) znajduje się formularz do wprowadzenia sekwencji nukleotydowej.

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between **three or more** sequences. For the alignment of two sequences please instead use our [pairwise sequence alignment tools](#).

Important note: This tool can align up to 4000 sequences or a maximum file size of 4 MB

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of

DNA

sequences in any supported format:

Or, upload a file: No file selected.

[Use a example sequence](#) | [Clear sequence](#) | [See more example inputs](#)

- Wybierz opcję DNA.
- Wprowadź sekwencje dostarczone w pliku rDNA Pinus.seq. Jest to plik tekstowy z trzema sekwencjami zapisanymi w formacie FASTA.
- Wprowadź dostarczone sekwencje poprzez ich przekopiowanie do okna (sequences in any supported format) lub przez załadowanie pliku rDNA Pinus.seq za pomocą opcji „browse” pod oknem (w tym przypadku należy plik z serwera skopiować na własny komputer).
- W punkcie 2 i 3 (Step2 i Step 3) pozostaw domyślne parametry.
- Zatwierdź analizę za pomocą „submit”.
- Po kilku sekundach powinien pojawić się ekran z uliniowaniem
- Przekopij plik do edytora tekstu. Proszę starać się zachować układ uliniowania.

- A. Proszę zaznaczyć miejsca występowania SNP na obszarze 1-958 bp.
- B. Proszę podać liczbę miejsc SNP. Jeżeli obok siebie występuje więcej SNP, proszę je liczyć jako jedno miejsce.
- C. Na odcinku 1-938 bp proszę zaznaczyć miejsca delekcji przyjmując 05MUGO za sekwencję bazową. Ile jest miejsc delekcji? Delekcje występujące obok siebie (bez przerw) proszę policzyć jako jedną.
- D. Korzystając z widoku „Result summary”, proszę wyszukać informacji o podobieństwie (identity) badanych sekwencji. Proszę podać wartości podobieństwa obliczone przez program.

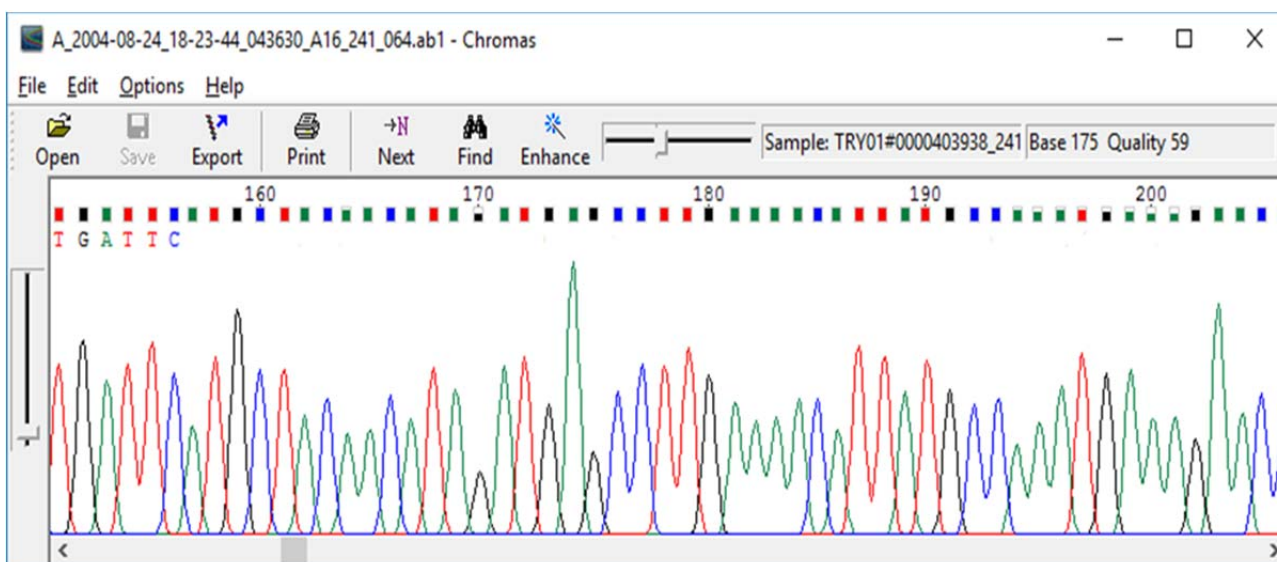
Samodzielne wykonanie: 3 p.

Termin: 20.05.2020.

Ocena: 27.05.2020.

1.2. Odczytywanie sekwencji DNA

Poniżej przedstawiono wydruk sekwencjonowania DNA w programie CHROMAS. Korzystając z klucza podanego na początku sekwencji proszę podać sekwencję na obszarze 170-190 bp.



Uwaga: ze względu na różne kolory zasad pracę należy wykonać w komputerze lub kolorowym wydruku.

Samodzielne wykonanie: 2 p.

Termin: 20.05.2020.

Ocena: 27.05.2020.