



## Projekt

Czwarte ćw. polega na sprawdzeniu, czy badana sekwencja jest fragmentem genu. Rola dwuosobowych zespołów polegać będzie na **wykorzystaniu bioinformatycznego narzędzia BLAST**.

- a) Wstęp teoretyczny i dyskusja dotycząca wykorzystania komputerów do ustalania funkcji badanej sekwencji.
- b) Przed zajęciami proszę zapoznać się ze stroną <http://bscs.org/pages/curriculumdevelopment/onco/default.htm> oraz <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- c)
1. Proszę przejść do „Bioinformatics Department”.
  2. Proszę użyć narzędzia BLASTN w celu sprawdzenia, czy badana sekwencja jest częścią genu.
  3. Odpowiedzi na pytania prowadzącego.
  4. Proszę użyć narzędzia BLASTP w celu sprawdzenia, czy badana sekwencja jest częścią genu.
  5. Odpowiedzi na pytania prowadzącego. Która ramka odczytu daje możliwość określenia częścią jakiego genu jest nasza badana sekwencja?
- d) Ćwiczenia z wykorzystaniem programu BLAST  
<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- Wymagane wiadomości:**
- Budowa białka (struktury I,II,III,IV-rzędowe)