

PODSTAWY BIOINFORMATYKI

LISTA ZADAŃ 4

PODSTAWY BIOLOGICZNE

1. Które z poniższych aminokwasów są pirymidynami?
 - a. adenina i tymina
 - b. cytozyna i tymina
 - c. cysteina i guanina
 - d. cytozyna i guanina
2. Jakim skrótem oznacza się puryny i pirymidyny w skomputeryzowanym zapisie DNA?
3. Poniżej znajdują się 4 oligomery, wszystkie zapisane w kierunku od 5' do 3'. Które z nich są wzajemnie komplementarne?

1. TTAGGC 2. CGGATT 3. AATCCG 4. CCGAAT

Odpowiedzi:

- a. 1 i 2
 - b. 2 i 3
 - c. 1 i 3
 - d. 2 i 4
4. Które z poniższych stwierdzeń dotyczących kodu genetycznego jest prawidłowa?
 - a. W standardowym kodzie genetycznym jest 1 kodon dla cysteiny i 1 kodon dla tryptofanu
 - b. W standardowym kodzie genetycznym seryna oraz arginina mają po 6 kodonów
 - c. Obie odpowiedzi są prawidłowe.

DOPASOWANIE SEKWENCJI

1. Na podstawie macierzy substytucji aminokwasów **BLOSUM62** oblicz score poniższego przyrównania. Przyjmij, że gap opening = -10, a gap extension = -1.

C	M	D	A	E	G	F	T	Y	H	N	S	D	E	W	Q	A	A	G	S	G	H	K	L
C	M	Q	A	E	G	F	-	-	-	-	T	E	E	W	N	-	-	-	-	A	H	H	L

2. W bazie UniProt odnajdź sekwencje białka FOXP2 dla *Homo sapiens*, *Bos taurus* oraz *Rattus norvegicus*. Sekwencje przyrównaj w programie Clustal Omega. Jaki jest procent identyczności sekwencji pomiędzy
 - a. *Homo sapiens* a *Bos taurus*?
 - b. *Rattus norvegicus* a *Bos taurus*?
 - c. *Rattus norvegicus* a *Homo sapiens*?

W którym przypadku procent identyczności jest najwyższy?

3. Przyrównano sekwencje aminokwasowe za pomocą macierzy kropkowych. Co możesz wynioskować z podanych poniżej wizualizacji? Podpisz każdy rysunek i uzasadnij odpowiedź. Jeśli stwierdzisz mutację przyrównaj sekwencje (jedna pod drugą) i wskaż (np. zaznacz kolorem) zmutowane fragmenty.

	M	G	H	N	M	P	W	A	S	D	R	T	Y	P	I	D	F	Q	V	C
M	x				x															
G		x																		
H			x																	
N				x																
M	x				x															
P						x														
Y																				
T																				
R																				
D																				
S																				
A																				
W																				
P																				
I																				
D																				
F																				
Q																				
V																				
C																				

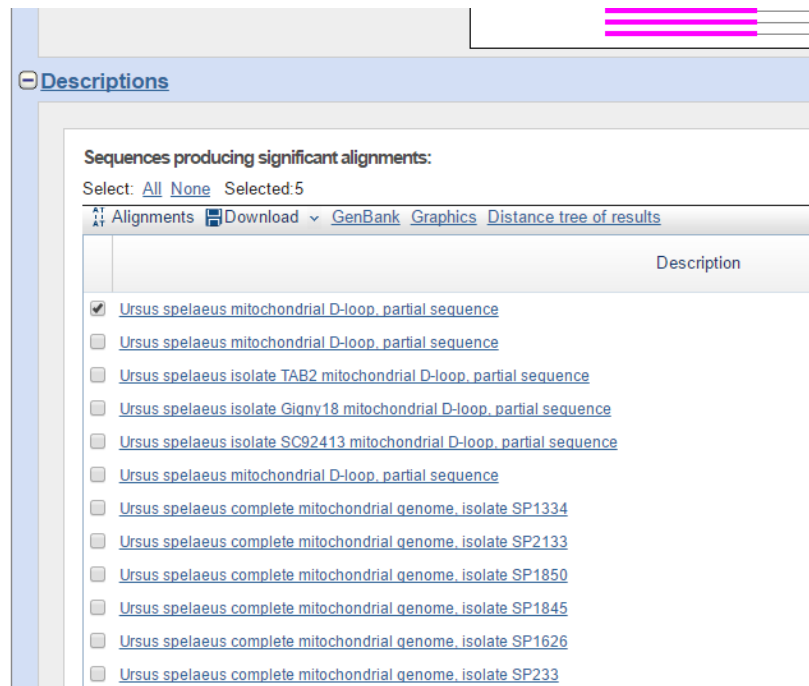
	M	G	H	N	M	P	W	V	S	D	R	T	Y	S	W	Q	F	G	V	C
M	x				x															
G		x																		
H			x																	
N				x																
M	x				x															
P						x														
W							x													
A																				
S																				
D																				
R																				
T																				
Y																				
P																				
W																				
D																				
F																				
G																				
V																				
C																				

	M	G	H	N	M	P	W	A	S	D	R	T	Y	P	W	D	F	G	V	C
M	x				x															
G		x																		
H			x																	
N				x																
M	x				x															
P						x														
W							x													
A								x												
S									x											
D										x										
R											x									
T												x								
Y													x							
P														x						
W															x					
D																x				
F																	x			
G																		x		
V																			x	
C																				x

	M	G	H	N	M	P	W	A	S	D	R	T	Y	P	I	D	F	G	V	C
M	x				x															
G		x																		
H			x																	
N				x																
M	x				x															
P						x														
W							x													
A								x												
S									x											
D										x										
R											x									
T												x								
Y													x							
W														x						
A															x					
S																x				
D																	x			
R																		x		
T																			x	
Y																				x
P																				
I																				
D																				
F																				
G																				
V																				
C																				

4. Rozważmy dwie sekwencje DNA: TAGCAT i TGACAT. Za pomocą programowania dynamicznego wyznaczono dla obu sekwencji dopasowanie globalne. Ustalono następujący system punktacji: dopasowanie=1, niedopasowanie=0, kara za przerwę o jednostkowej długości =0,1 pkt. Rozpisz możliwe sposoby dopasowania sekwencji i odpowiedz na poniższe pytania.
 - a. Czy w **optymalnym** dopasowaniu nie ma przerw?
 - b. Jaka jest punktowa ocena optymalnego dopasowania?
 - c. Czy istnieje kilka alternatywnych, optymalnych dopasowań? Jak wiele ich jest?

5. Pozyskanie sekwencji homologicznych, program BLAST
 - a. Znajdź w bazie nukleotydowej NCBI sekwencję o numerze AH012175.2
 - b. W menu po prawej stronie znajdź i naciśnij „Run BLAST”
 - c. Wybierz opcję „More dissimilar sequences” oraz zwiększ „Max target sequences” do 10,000.
 - d. Sekwencje jakich gatunków znalazłeś?
 - e. Spróbuj samodzielnie zinterpretować wynik działania programu BLAST. Zwróć uwagę na wartości: score i e-value. Zastanów się w jaki sposób mogą one pomóc Ci wybrać odpowiednie sekwencje do stworzenia drzewa filogenetycznego.
 - f. Zaznacz 5 sekwencji homologicznych (okienka po lewej stronie rekordu), np. po jednej dla gatunku, wliczając sekwencję stanowiącą zapytanie. Następnie skorzystaj z menu „Download” → FASTA (complete sequence). Sekwencje zostaną zapisane na dysku.



6. Przyrównanie sekwencji, program BioEdit
 - a. Za pomocą opcji „File → Open” otwórz pozyskany plik
 - b. Wykonaj przyrównanie (Accessory Application -> ClustalW Multiple alignment). Użyj domyślnych parametrów.
 - c. Skróć sekwencje tak, aby były równej długości (możesz wykorzystać zakładkę Edit), pamiętaj, aby uczynić sekwencje edytowalnymi (Mode: Edit)
 - d. Zmień nazwy sekwencji tak aby na początku, każdej z nich znajdowała się tylko nazwa gatunkowa i numer sekwencji. Równocześnie zadбай o to by nazwa nie zawierała spacji.
 - e. Zapisz przyrównane sekwencje w formacie fasta („Save As...”)
7. Stworzenie drzewa filogenetycznego, program Simple Phylogeny
 - a. Załaduj plik z przyrównanymi sekwencjami poprzez „Wybierz plik”
 - b. Utwórz drzewo za pomocą metody UPGMA
 - c. Utwórz drzewo za pomocą metody NJ
 - d. Zinterpretuj utworzone drzewa i porównaj je.

POMOCNE LINKI:

<http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>

http://www.ebi.ac.uk/Tools/phylogeny/simple_phylogeny/