

Laboratorium 1

Wykonaj zadania i rozwiąż problemy zadane poniżej.

1. Oszacuj wielkość fragmentów kodujących białka genomu eukariotycznego, jeśli:
 - genom posiada 20000 genów kodujących białka
 - średnia długość białka to 330 aminokwasów
2. Jaka jest minimalna liczba mutacji (substytucji) potrzebnych, aby zmienić poniżej wypisane aminokwasy na inne? Podaj dziki i zmutowany wariant dla trójki deoksyrybonukleotydów kodujących aminokwas.
 - seryna → arginina
 - tyrozyna → leucyna
 - alanina → cysteina
3. Jaka jest sekwencja mRNA i jakie aminokwasy przyjmie oligopeptyd, jeśli jego sekwencja w DNA jest kodowana przez: 5'-TACTAGGGTCCCCTACCTAAGTCG-3'?
4. Jak zmieni się sekwencja mRNA i oligopeptydu, jeśli dojdzie do delecji guaniny na siódmej pozycji w sekwencji z zadania powyżej?
5. Na stronie NCBI wyszukaj genom muszki owocówki (*Drosophila melanogaster*) i odpowiedz na pytania poniżej:
 - (a) Ile chromosomów ma *Drosophila melanogaster*?
 - (b) Czy genom jądrowy i mitochondrialny różnią się procentowym składem poszczególnych nukleotydów?
 - (c) Czy wszystkie chromosomy mają podobny rozmiar?
 - (d) W jakim formacie można pobrać genom ze strony?
 - (e) Przejdź to raportu z asemblacji i adnotacji (Genome Assembly and Annotation report) i wybierz złożenie o id: GCA_000001215.4. Podaj i krótko objaśnij statystyki zawarte w globalnym raporcie.
6. Korzystając z bazy Ensembl sprawdź:
 - (a) Który chromosom człowieka zawiera gen ubikwityny?
 - (b) Sprawdź długość genu insuliny, białka receptorowego LDL oraz genu dystrofiny u człowieka, podaj numery referencyjne sekwencji.
 - (c) Jaka jest długość sekwencji aminokwasowej dla tych białek?

- (d) Jaki jest stosunek całkowitej długości eksonów do długości genu insuliny, białka receptorowego LDL oraz dystrofiny?
 - (e) Jaki jest stosunek całkowitej długości intronów do długości genu insuliny, białka receptorowego LDL oraz dystrofiny?
7. Wejdź na stronę BLAST i wykonaj alignement dla sekwencji załączonej na stronie przedmiotu.
- (a) Podaj nazwę genu, do którego została dopasowana sekwencja.
 - (b) Jaka jest długość tej sekwencji?
 - (c) Podaj organizmy jakie mają najbardziej podobne sekwencje.
 - (d) W jakich formatach plików można wyeksportować wyniki BLAST?
8. Na stronie Rosalind można znaleźć różne algorytmiczne problemy związane z bioinformatyką. Rozwiąż kilka wybranych problemów (wymagana rejestracja na stronie).