

Organizacja

Zadania w ramce są do wykonania samodzielnie i należy sporządzić z nich krótki raport. Dokumenty elektroniczne (najlepiej PDF) proszę przesłać na mój adres emailowy do 6 marca, do godziny 20.

Raport powinien zawierać imię i nazwisko, numer indeksu oraz odpowiedzi na pytania. Jeśli zadanie wymaga napisania programu, można wkleić kod do raportu o ile jest on krótki lub po prostu załączyć kod źródłowy do wiadomości. W pozostałych zadaniach proszę też zamieszczać opis wykonania, a nie tylko końcowy efekt. W przypadku tych zajęć, proszę chociaż krótko opisać sposób wyszukiwania informacji w bazach danych (jakie zapytania, na której stronie wydane, itd.)

Wyszukiwanie sekwencji

- Opis formatu [FASTA](#)
- Opis algorytmu [BLAST](#)
 - *For example, following the discovery of a previously unknown gene in the mouse, a scientist will typically perform a BLAST search of the human genome to see if humans carry a similar gene; BLAST will identify sequences in the human genome that resemble the mouse gene based on similarity of sequence*
 1. Wejdź na stronę: [BioProject](#)
 2. W części **Browse BioProject** wybierz **By Project attributes**
 3. Ustaw filtr **Organism/Name** na **Mouse**
 4. Kliknij w nazwę **Mus musculus**
 5. W tabelce po prawej, wybierz bazę danych **Gene**
 6. Wybierz dowolny gen, np. **Gt(ROSA)26Sor**
 7. W dziale **Genomic regions, transcripts and products** wybierz link **FASTA**
 8. Pojawi się sekwencja nukleotydów. Wybierz opcję **Run BLAST** z panelu po prawej
 9. Jako **Database** zaznacz **Human genomic + transcript** i kliknij w przycisk **BLAST**

Zadanie 1

Wyszukaj podaną niżej sekwencję aminokwasów. Ogranicz wyniki do białek pochodzących od bakterii. Podaj nazwę organizmu, u którego poziom pokrycia (*query coverage*) jest najwyższy:

```
PLDRGQPDQAYRKKI IKDVPGTPSDKVI TFELAKNWNNDSPRND FSSQ  
ESEDEEDDI IKPVQVNKNPFV SDELITQEIRNERKRALLTENPDIEDV  
VTYVNKKGEVVEKRKLTDEEKRRFKPKALFQSGDREH
```

Zadanie 2

Wybierz jedną z podanych sekwencji nukleotydów. W jakich gatunkach została odnaleziona? Jaka jest jej funkcja?

1. AACAAAAUAAUUUACAUCCAAGGACCGGUAUUUUGUAGGGGAUUUG
UGACUUUCAAGGCAACGUCCUCUCUACAACCGAGUUCGAGAAUAAGUA
CAAUUGGCUCUUUUUGUUAUUCGAAAGCUACAAGUUCUGGUAUAUUC
UAUAUACUCACUUUAUACUUUCAAGUACUUCACACGGGCCUGACAUCU
2. UAAAUAUACAACACCCAGUAUUUUUGGCUGCCCCGUGUCUUUCUACC
ACGGGUAGUCUCUCUAAGCUGGCAGAUAGAUGUUUAUUGAACCUCUUA
AGUCCGUUGUGAAGUUUCGUCUUUCAGGCUGUAUUUCAUAACACUA
CUGUAGUUCACACAUAUC
3. UCGGCCUGUGCCACUCAAACUGUGGGGGCACUUUCUGUUCUAGGUAGG
AAAGUGCCGCCAUUUUUUGAGUGUCCCCGGCUGA
4. UCCUUAUCCCGUUCGCAAUGGCACUGCAUGAAUUCACGGCUAUGCAUA
ACGACAGACCGCGGAUCAUACGGUACCAUAGCGGACGGUGAUGAGGUU
AAU
5. AUUGCAAUUAACUAAAAUCCCUAUCAGGGAUUGAAAC
6. GGUCACGAGUGCCAGCGCUAAACCCCGUUUGCUGGCCGGCAACCCUC
CAUUCGCGGUGGGGUGCCCCGGGUGACGACCCGGCCGGUCCGGAAUGG
AUGCGCAAGCGCGGAUC
7. GUAGAUGCUCAUUCCAUCUCUUAUGUUCGCCUUCGUGCCUCAUAAACU
CCGGAAUGAUGCAGAGCCGUUCUUAACGGUGCUUAUCGUCCACUGACAG
AUGUCGCAUUUAUGCCUCAUCAAACACCAUGGACAUUACGUUGAGUGA
AGCACCCAAUUUGUUGUCAAAACAGACCUGUUUUAACGCCUGCCCUGAU
UUCAGCGCAGGCGUUUUUUU
8. GAUACAUAGGAACCUCCUCACAAAGGAUUCUAUGGACAGUCGAUGCAG
GGAGGAGAGAACUCCUGCAUCGGCGAUUUU

Wyszukiwanie struktur trzeciorzędowych

- Opis formatu [PDB](#)
- Odnajdywanie informacji o zdeponowanej strukturze trzeciorzędowej mając do dyspozycji sekwencję:
 1. Wejść na stronę [PDBe](#)
 2. Wybierz **Sequence search**
 3. Wyszukaj poniższej sekwencji:

```
ELVVTQESALTTSPGETVTLTCRSSSGAVTTSNYATWVQEKPDHLFTG  
LIGGTNKRAPGVPARFSGSLIGDRAALTITGAQTEDEAIYFCALWNSN  
HLVFGGGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPR  
EAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSSTYSLSSTLTLSKADYEKHK  
VYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
```

4. Wybierz dowolną znaną strukturę
5. Sprawdź dane o strukturze takie jak:

- **Details**
- **Primary structure**
- **Secondary structure**
- **Tertiary structure**
- **Quaternary structure**
- **Cross references**

Zadanie 3

Odnajdź identyfikatory wszystkich zdeponowanych struktur trzeciorzędowych spełniających poniższe warunki:

Organizm: mysz domowa (*mus musculus*)

Data udostępnienia: dowolna w 2011 roku

Metoda uzyskania struktury: X-ray

Typ cząsteczki: RNA

Wśród wyników będzie jedna struktura tRNA. Ściągnij ją w formacie PDB i napisz krótki program do ekstrakcji atomów z łańcucha B.

Wejście: plik w formacie PDB

Wyjście: linie ATOM zawierające tylko atomy z łańcucha B

Wyszukiwanie fragmentów struktur RNA

- Wyszukiwarka [RNA FRABASE](#)
- Odnajdywanie informacji o cząsteczce:
 1. Wybierz przykład 5 (*three-way junction*) i wyszukaj go
 2. Kliknij na **Show fragment**, otworzy się przeglądarka Jmol. Z menu kontekstowego wybierz **Style** → **Structures** → **Cartoon**
 3. Zaznacz cząsteczkę, sprawdź kąty torsyjne oraz histogramy ich wartości
 4. Sprawdź kanoniczne i niekanoniczne pary zasad