

Algorytmy przewidywania struktury drugorzędowej RNA

Tomasz Żok

1 Przewidywanie struktury RNA z pojedynczej sekwencji

1. Wejdź na stronę generatora losowych sekwencji i zachowaj sobie gdzieś swój unikalny wynik
2. Wejdź na stronę ViennaRNA Web Services
3. Wybierz **RNAfold Server** by przewidzieć strukturę drugorzędową RNA
4. Wykonaj podobny eksperyment korzystając z narzędzia IPknot
5. Porównaj wyniki z obu narzędzi (raport!)
6. Możesz wrócić na stronę ViennaRNA Web Services, wybrać **RNAinverse Server**, wkleić swoje wynikowe struktury oraz wylosowaną na początku sekwencję. Narzędzie to pokaże potencjalnie lepszą sekwencję, która zachowa taką samą strukturę
7. Polecam zapoznać się z raportem i rankingiem (z 2013 roku) różnych metod przewidywania struktury 2D RNA na stronie CompaRNA

2 Przewidywanie struktury RNA z *alignmentu* wielu sekwencji

1. Wejdź na stronę Rfam
2. W polu edycyjnym obok sekcji JUMP TO wpisz otrzymany identyfikator rodziny RNA

3. Z menu po lewej, wybierz **Alignment**, a następnie dla **Alignment format** wybierz wartość **FASTA (gapped)**
4. Ze ściągniętego pliku wybierz co najwyżej 100 pierwszych sekwencji np.:

```
$ cat RF00001.afa.txt | awk '
/^>/ {
  if (previous) {
    print previous
    count += 1
    if (count == 100) {
      exit
    }
    previous = ""
  }
}
{
  previous = previous "\n" $0
}' > RF00001.afa.filtered.txt
```

5. Wejdź na stronę [ViennaRNA Web Services](#)
6. Wybierz **RNAalifold Server** by przewidzieć konsensusową strukturę dla alignmentu z Rfam
7. A teraz wróć na stronę Rfam, zmień **Alignment format** na **FASTA (UNgapped)**
8. Ściągnij plik i wybierz z niego co najwyżej 16 pierwszych sekwencji.
9. Wejdź na stronę [LocARNA](#)
10. Zleć zadanie jednoczesnego przewidywania struktury 2D oraz alignmentu sekwencji
11. Porównaj wyniki z obu narzędzi (raport!)