

IDENTIFICAREA PATTERN-URILOR ÎN SECVENȚE DE NUCLEOTIDE ȘI/ȘAU AA

Obiectiv:

- Dobândirea abilităților necesare identificării pattern-urilor în secvențe de nucleotide și aminoacizi

Identificarea pattern-urilor în secvențe de nucleotide și aminoacizi

- Realizați o căutare în una din bazele de date prezentate în cursuri pentru a identifica secvențe de nucleotide și secvențe de aminoacizi pentru speciile dorite de dvs.
 - În folderul _fasta.zip veți găsi o serie de fișiere *.fasta cu secvențe de aminoacizi pentru colagenul de tip I (lanțul α_1 , respectiv α_2) pentru diferite specii, respectiv două fișiere cu secvențe de nucleotide - Rattus norvegicus, cromozomul 10, respectiv 4.
- Căutați pattern-uri în secvențele identificate.
 - Creați fișa de rezultate pentru analiza realizată. Fișa (*.doc) trebuie să aibă următorul conținut:
 - Denumire specie.
 - Denumire proteină/cromozom.
 - Număr de nucleotide / aminoacizi din secvență.
 - Număr de pattern-uri identificate.
 - Frecvența pattern-urilor. Realizați un tabel cu următoarele coloane: Pattern, Număr nucleotide/aa în pattern, Frecvența (absolută), Puncte de start (enumerare).

N.B.

- Utilizați pentru identificarea pattern-urilor resurse online sau programul CLC.
- Trebuie să aveți două fișe de rezultate (unul pentru secvența de nucleotide, cel de-al doilea pentru secvența de aminoacizi).
- Salvați fișierul cu denumirea Pattern_PrenumeNUME.doc.

Trimiteți fișierele create ca fișiere atașat la adresa de e-mail: sbolboaca@gmail.com. La subiect: Prenume, NUME, Master BiodivBioconserv – Laborator 3.