

ALINIAREA SECVENȚELOR DE NUCLEOTIDE ȘI/ȘAU AA

Obiectiv:

- Alinierea secvențelor de nucleotide și/sau aminoacizi

Alinierea secvențelor 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. Este important pentru aliniere să aveți secvențele ale aceleași proteine pentru două specii diferite (alese de dvs.) sau lanțuri diferite ale aceleași proteine.
 - 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. Aceste fișiere se pot utiliza ca fișiere de intrare în realizarea alinierii secvențelor de aminoacizi, respectiv nucleotide. Alinierea se poate însă realiza și pe secvențe de aminoacizi, respectiv nucleotide identificate de dvs. pentru specia / speciile de interes.
- Realizați alinierea secvențelor de nucleotide și aminoacizi.
 - Creați fișa de rezultate pentru analiza realizată. Fișa (*.doc) trebuie să aibă următorul conținut:
 - Denumire specii.
 - Denumire proteină/cromozom.
 - Număr de nucleotide / aminoacizi din secvență.
 - Sumarizarea rezultatelor.
 - Reprezentarea alinierilor identificate.

N.B.

- Utilizați pentru identificarea pattern-urilor resurse online sau programul CLC. Pentru programul CLC sunt necesare fișiere FASTA.
- Trebuie să aveți două fișe de rezultate (unul pentru alinierea nucleotidelor, cel de-al doilea pentru alinierea aminoacizilor).
- Salvați fișierul cu denumirea Aliniere_PrenumeNUME.doc.

Trimiteți fișierele create ca fișiere atașat la adresa de e-mail: sbolboaca@gmail.com.

La subiect: Prenume, NUME, Master BidivBioconserv – Laborator Aliniere.