

## Ievads bioinformātikā

2011. gada rudens semestris

### 1. uzdevums

1. Atrast GenBank cilvēka ciklofilīna A (cyclophilin A) gēna mRNS sekvenses un saistītās aminoskābju sekvenses.
2. Veikt aminoskābes secības BLASTP homologijas analīzi, lai identificētu homologās aminoskābju sekvenses citos organismos.
3. Iegūt 20 homologās aminoskābju secības no dažādām taksonomiskām grupām FASTA formātā un veikt šo aminoskābju sekvenču daudzkārtēju salīdzinājumu izmantojot Clustal W programmu.
4. Balstoties uz aminoskābju sekvenču daudzkārtēju salīdzinājumu izveidot dendrogrammu izmantojot maksimālās parsimonijas metodi (PHYLIP pakete, protpars.exe).
5. Izvērtēt iegūtās dendrogrammas atbilstību zināmajam dzīvo organismu filoģenētiskajam kokam.

Iesniedzamie materiāli:

Atrastā ciklofilīna A gēna DNS un aminoskābju sekvence FASTA formātā, īss gēna funkcijas raksturojums, BLASTP rezultāts, atlasītās 20 aminoskābju sekvenses, kas homologas cilvēka ciklofilīnam, daudzkārtējs sekvenču salīdzinājums, dendrogrammas.