

Ievads bioinformātikā

2011. gada rudens semestris

4. uzdevums

1. Anotēt augu (viendīgļlapju) genomiskās DNS sekvenču fragmentu, kas satur retrotranspozonu.
2. Veikt BLASTN homologijas meklēšanu izmantojot genomiskās DNS sekvenci.
3. Veikt BLASTX homologijas meklēšanu izmantojot genomiskās DNS sekvenci.
4. Veikt genomiskās sekvenču analīzi ar programmu DOTTER, lai identificētu iekšējos atkārtojumus.
5. Identificēt retrotranspozona LTR rajonus, tiešos un invertētos atkārtojumus.

Iesniedzamie materiāli:

BLASTN un BLASTX homologijas meklēšanas rezultāti, DOTTER salīdzinājums, LTR atrašanās vietas genomiskajā sekvencē.