

## Ievads bioinformātikā

2011. gada rudens semestris

### 5. uzdevums

1. Atrast PopSet datubāzē populāciju datu kopu – DNS sekvences ribosomālajam proteīnam L18 (RPL18), ja zināms, ka tās publicētas sekojošā rakstā:  
Kullberg, M., Nilsson, M.A., Arnason, U., Harley, E.H., Janke, A. (2006) Housekeeping genes for phylogenetic analysis of eutherian relationships. *Mol. Biol. Evol.* 23 (8), 1493-1503.
2. Iegūt sekvences no GenBank FASTA formātā.
3. Veikt iegūto sekvenču daudzkārtēju salīdzinājumu izmantojot Clustal W programmu.
4. Veikt sekvenču filoģenētisko analīzi izmantojot dnapars.exe programmu no PHYLIP paketes.
5. Veikt filoģenētiskā koka *bootstrap* analīzi (100 datu kopas) izmantojot seqboot.exe, dnapars.exe un consense.exe programmas.
6. Vizualizēt filoģenētiskos kokus ar TreeView programmu. Salīdzināt iegūtos filoģenētiskos kokus.

#### Iesniedzamie materiāli:

Ribosomālā proteīna L18 (RPL18) gēnu daļējās sekvences FASTA formātā. Clustal W sekvenču salīdzinājums. dnapars.exe rezultāti un filoģenētiskais koks bez *bootstrap* analīzes. Rezultāti un filoģenētiskais koks pēc *bootstrap* analīzes. Visi datu un rezultātu faili.