

Ievads bioinformātikā

2011. gada rudens semestris

11. uzdevums

Sekvenējot augsnes paraugu DNS, tika iegūtas 30 augsnes sēņu sekvences.

1. Noteikt genoma rajonu, kas ticis sekvecēts un noskaidrot šī genoma rajona pielietojumu dzīvo organismu filoģenētiskajā analīzē.
2. Veikt homologo sekvenču meklēšanu GenBank nukleotīdu datu bāzē izmantojot BLASTN programmu un noteikt minēto sekvenču iespējamo taksonomisko piederību.
3. Veikt augsnes sēņu DNS sekvenču daudzkārtējo salīdzinājumu izmantojot Clustal W programmu.
4. Balstoties uz DNS sekvenču daudzkārtējo salīdzinājumu izveidot dendrogrammu izmantojot maksimālās parsimonijas metodi (PHYLIP pakete, dnapars.exe).
5. Izvērtēt iegūtās dendrogrammas atbilstību zināmajam augsnes sēņu filoģenētiskajam kokam.

Iesniedzamie materiāli:

Informācija par doto sekvenču piederību noteiktam genoma rajonam un pārskats par tā pielietojumu filoģenētiskajā analīzē, doto sekvenču taksonomiskā piederība un homologijas pakāpe, daudzkārtējs DNS sekvenču salīdzinājums, dnapars dendrogramma.