

Ćwiczenie 4 – Przyrównanie sekwencji - metoda Dotplot

W tym ćwiczeniu poznasz:

- metodę dotplot pozwalającą na graficzne przedstawienie podobieństwa i różnic między dwiema sekwencjami. Dowiesz się jak rozpoznawać zmiany ewolucyjnie jakie zachodziły między porównywanymi sekwencjami.

Słowa kluczowe: dotplot, insercja, delecja, potwórzeenie tandemowe, inwersja

Zadanie 1.

Korzystając z techniki matrycy punktowej (dotmatrix) z przesuwającym oknem przeanalizuj strukturę słowa ABRACADABRACADABRA. Matryca do wypełnienia znajduje się w pliku abracadabra.xls. Użyj parametrów: wielkość okna = 3, wartość graniczna = 2. Co można powiedzieć o analizowanym słowie na podstawie uzyskanej matrycy?

Zadanie 2.

W pliku dotplot.fasta znajdują się sekwencje nukleotydowe. Przy wykorzystaniu programu dotmatcher z pakietu EMBOSS (<http://emboss.bioinformatics.nl/cgi-bin/emboss/dotmatcher>) wykonaj analizy dot-plot par sekwencji.

Zastosuj długość słowa i wartość graniczną odpowiednio 15 i 50.

Zinterpretuj uzyskane wyniki dla wybranych par sekwencji:

- a. s1:s1
- b. s1:s10
- c. s2:s2
- d. s4:s5
- e. s7:s8
- f. s4:s4

Zadanie 3.

W pliku arabidopsis.fasta znajdują się dwie sekwencje nukleotydowa jednego z genów *A. thaliana*. Pierwsza z nich to sekwencja genomowa a druga to sekwencja pochodząca z cDNA. Korzystając z programu DotMatcher i informacji, że najkrótszy egzon ma długość 72bp, zrób dopasowanie dot-plot w taki sposób, aby odpowiedzieć na pytanie: ile egzonów posiada ten gen?