

Przewidywanie struktury drugorzędowej z uwzględnieniem wiązków

Ćw. 1 Przewidywanie struktury 5S rRNA E. Coli

1. Pobierz z bazy danych [RMDB](#) sekwencję 5S rRNA E.coli oraz wyniki eksperymentu SHAPE uzyskane dla tej cząsteczki (próbkiowanie struktury drugorzędowej).
2. Zastosuj pobrane reaktywności jako wiązki strukturalne do przewidywania struktury za pomocą RNAfold. Przeprowadź przewidywanie w dwóch trybach:

- *soft constrains* - zastosuj reaktywności jako wiązki

- *hard constrains* - na podstawie reaktywności wybierz pozycje w sekwencji, które zostaną wymuszone jako jednoniciowe w strukturze. W tym celu napisz skrypt który pozostawi 10, 20 lub 40% najwyższych wartości reaktywności do zastosowania jako twarde wiązki. Porównaj uzyskane wyniki.

Wklej uzyskane wyniki do protokołu.

3. Zapoznaj się z programem [RNAstructure](#)

Powtórz przewidywanie oparte o miękkie wiązki z zastosowaniem programu RNAstructure. Wklej uzyskane wyniki do protokołu. Porównaj wyniki i opisz w protokole różnice.