Лаборатора робота 6

**Секвенування ДНК. Біоінформатика**

**Завдання 1.**

А) Після проведення секвенування фрагмента ДНК методом Сенгера отримали результати:



Відновити послідовність нуклеотидів у відсеквенованому фрагменті.

Б) Визначити довжину і порядок добудованої за допомогою праймера послідовності :

 Праймер\_\_\_\_1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12

ddA Праймер +3 Праймер +6 Праймер +7 Праймер +10

ddT Праймер +1 Праймер +2 Праймер +8 Праймер +12

ddG Праймер +4 Праймер +9

ddC Праймер +5 Праймер +11

**Завдання 2.**

Заповніть пропуски у наступних твердженнях:

А. Ферменти \_\_\_\_\_\_\_дозволяють перетворювати молекули ДНК великих розмірів у набір \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_довжиною від декількох сотень до декількох тисяч основ.

Б. Використання \_\_\_\_\_\_\_ для розділення \_\_\_\_\_\_\_ надає можливість отримувати\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_.

В. Якщо використовувати декілька ферментів \_\_\_\_\_\_і спочатку обробляти ДНК кожної з \_\_\_\_\_\_\_\_ окремо, а потім їх комбінаціями, можна побудувати \_\_\_\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_ даної ДНК.

Г. Визначивши розмір отриманих фрагментів за допомогою \_\_\_\_\_\_\_\_ можна знайти положення сайтів \_\_\_\_\_\_\_\_ (здійснити \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_).

Д. \_\_\_\_\_\_\_\_ – визначення нуклеотидної послідовності. До основних методів \_\_\_\_\_належать хімічний і ферментативний.

Е. В основі методу \_\_\_\_\_ лежить принцип \_\_\_\_\_\_\_\_ комплементарного ланцюга ДНК на одноланцюгової матриці.

Є. Основним моментом ферментативного \_\_\_\_\_\_\_ є \_\_\_\_\_\_\_\_ синтезу ланцюга, що будується.

 Ж.\_\_\_\_\_\_\_\_ – це нуклеотиди позбавлені 2'- і 3'-гидроксильних груп при вуглецевих атомах цукрового кільця.

З. Подовження ланцюга здійснюється до того часу, коли замість \_\_\_\_\_\_\_\_ не приєднається \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_.

І. Автоматичне \_\_\_\_\_\_\_\_ – це, в першу чергу, електрофоретичний розподіл мічених продуктів реакції \_\_\_\_\_\_\_\_ за допомогою спеціальних приладів – автоматичних \_\_\_\_\_\_\_\_\_.

**Завдання 3.**

Відновити нуклеотидну послідовність відсеквенованого фрагменту і визначити який метод секвенування застосовувався:

**Завдання 4.** Пошук анотації гена в біоінформаційних базах даних (NCBI-Gene).

1. Здійснити інтернет-пошук гена (gene search). З головної сторінки NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) або зі сторінки NCBI-Gene (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/) ознайомитись з інформацією про один ген з переліку (номер у переліку генів для кожного студента визначається його номером у списку групи).

Перелік генів:

|  |  |
| --- | --- |
|  | ACTN3 |
|  | ATP2B1 |
|  | HMOX1 |
|  | MAPK1 |
|  | MYC |
|  | NENF |
|  | SNCA |
|  | G6PD |
|  | IKBKG |
|  | NFKB1 |
|  | RB1 |
|  | LYZ |

1. Заповнити таблицю за зразком.

|  |  |
| --- | --- |
|  | **Альфа – Актин 1** |
| Official symbol | ACTA1 |
| Official name | actin, alpha 1, skeletal muscle |
| Gene ID | 58 |
| Gene type | protein coding |
| RefSeq (Reference Sequence) status | REVIEWED |
| Organism | [Homo sapiens](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=9606) |
| Summary  | The product encoded by this gene belongs to the actin family of proteins, which are highly conserved proteins that play a role in cell motility, structure and integrity./Білок родини актинів, які забезпечують клітинну рухомість, структуру та цілісність клітини |
| Genomic context (chromosome, locus) | 1q42.13 |
| Bibliography links (number) | 245 |
| RNA sequence of total RNA from human tissues | Heart<< Sceletal muscle |
| Phenotypes (links with disease – зв'язок із захворюваннями) | MIM 255310 (MYOPATHY) |
| Interactions (загальна кількість взаємодій для білка) | 164 |
| Gene Ontology (GO): Function (вибрати по 1-3 пункти з молекулярної функції)  | structural constituent of cytoskeleton |
| GO: Process (вибрати по 1-3 пункти з біолог.процесу) | skeletal muscle thin filament assembly |
| GO: Component (вибрати по 1-3 пункти з клітин.компоненту) | actin cytoskeleton cytosol |
| Number of transcripts  | 1 |
| Reference sequences (RefSeq): gene | NG\_006672.1  |
| RefSeq: mRNA | NM\_001100.3CCACCGCAGCGGACAGCGCCAAGTGAAGCCTCGCTTCCCCTCCGCGGCGACCAGGGCCCGAGCCGAGAGTAGCAGTTGTAGCTACCCGCCCAGAAACTAGACACAATGTGCGACGAAGACGAGACCACCGCCCTCGTGTGCGACAATGGCTCCGGCCTGGTGAAAGCCGGCTTCGCCGGGGATGACGCCCCTAGGGCCGTGTTCCCGTCCATCGTGGGCCGCCCCCGACACCAGGGCGTCATGGTCGGTATGGGTCAGAAAGATTCCTACGTGGGCGACGAGGCTCAGAGCAAGAGAGGTATCCTGACCCTGAAGTACCCTATCGAGCACGGCATCATCACCAACTGGGATGACATGGAGAAGATCTGGCACCACACCTTCTACAACGAGCTTCGCGTGGCTCCCGAGGAGCACCCCACCCTGCTCACCGAGGCCCCCCTCAATCCCAAGGCCAACCGCGAGAAGATGACCCAGATCATGTTTGAGACCTTCAACGTGCCCGCCATGTACGTGGCCATCCAGGCCGTGCTGTCCCTCTACGCCTCCGGCAGGACCACCGGCATCGTGCTGGACTCCGGCGACGGCGTCACCCACAACGTGCCCATTTATGAGGGCTACGCGCTGCCGCACGCCATCATGCGCCTGGACCTGGCGGGCCGCGATCTCACCGACTACCTGATGAAGATCCTCACTGAGCGTGGCTACTCCTTCGTGACCACAGCTGAGCGCGAGATCGTGCGCGACATCAAGGAGAAGCTGTGCTACGTGGCCCTGGACTTCGAGAACGAGATGGCGACGGCCGCCTCCTCCTCCTCCCTGGAAAAGAGCTACGAGCTGCCAGACGGGCAGGTCATCACCATCGGCAACGAGCGCTTCCGCTGCCCGGAGACGCTCTTCCAGCCCTCCTTCATCGGTATGGAGTCGGCGGGCATTCACGAGACCACCTACAACAGCATCATGAAGTGTGACATCGACATCAGGAAGGACCTGTATGCCAACAACGTCATGTCGGGGGGCACCACGATGTACCCTGGGATCGCTGACCGCATGCAGAAAGAGATCACCGCGCTGGCACCCAGCACCATGAAGATCAAGATCATCGCCCCGCCGGAGCGCAAATACTCGGTGTGGATCGGCGGCTCCATCCTGGCCTCGCTGTCCACCTTCCAGCAGATGTGGATCACCAAGCAGGAGTACGACGAGGCCGGCCCTTCCATCGTCCACCGCAAATGCTTCTAGACACACTCCACCTCCAGCACGCGACTTCTCAGGACGACGAATCTTCTCAATGGGGGGGCGGCTGAGCTCCAGCCACCCCGCAGTCACTTTCTTTGTAACAACTTCCGTTGCTGCCATCGTAAACTGACACAGTGTTTATAACGTGTACATACATTAACTTATTACCTCATTTTGTTATTTTTCGAAACAAAGCCCTGTGGAAGAAAATGGAAAACTTGAAGAAGCATTAAAGTCATTCTGTTAAGCTGCGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAA |
| RefSeq: protein | NP\_001091.1MCDEDETTALVCDNGSGLVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHQGVMVGMGQKDSYVGDEAQSKRGILTLKYPIEHGIITNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPTLLTEAPLNPKANREKMTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMRLDLAGRDLTDYLMKILTERGYSFVTTAEREIVRDIKEKLCYVALDFENEMATAASSSSLEKSYELPDGQVITIGNERFRCPETLFQPSFIGMESAGIHETTYNSIMKCDIDIRKDLYANNVMSGGTTMYPGIADRMQKEITALAPSTMKIKIIAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWITKQEYDEAGPSIVHRKCF |

1. Які ще відомості про ген та його продукти можна отримати з даної бази даних? Перерахувати лише назви характеристик.

**Завдання 5.** Дати відповідь на питання:

Чому кажуть, що геномний проект не завершується секвенуванням, а лише починається з нього?