

### Dopasowywanie sekwencji

**Celem** tego ćwiczenia jest poznanie jakościowej metod dopasowywania sekwencji typu dot-plot.

#### Sposób:

- ❖ Narzędzie ma posłużyć do świadomej analizy różnych gatunków współczesnych i kopalnych w celu **wyznaczenia ich pokrewieństwa** (ocena za pomocą stopnia podobieństwa i drzew filogenetycznych).
- ❖ Analizę przeprowadzisz w oparciu o **genom mitochondrialny** (nukleotydowy) i jeden z jego produktów białkowych - **cytochrom b** (jego ewolucyjna szybkość zmienności jest bardzo odpowiednia przy ustalaniu pokrewieństwa pomiędzy gatunkami).
- ❖ Sprawdź zmienność gatunkową białka ze swojego projektu

#### Narzędzia:

- ❖ Dot-Plot (np. <http://www.bioinformatics.nl/emboss-explorer/> lub inne)

#### Dane:

1. DNA cytochromu b kilku gatunków (sekwencja DNA – pliki dostarczone w dane.zip)
2. Białka cytochromu b (sekwencje białkowe – znajdź w serwisach, które poznałeś wcześniej):  
**Neandertalczyk, Człowiek, Szympan, Mucha, Słoń, Mamut, Ptak**  
Przygotuj jeden plik tekstowy z ich sekwencjami FASTA – będzie dalej potrzebny.
3. Pełny genom mitochondrialny: **Neandertalczyk, Człowiek, Szympan** (znajdź w serwisach, które poznałeś wcześniej)
4. Dowolne białko
- 5.

#### Zadania:

1. **(DNA, białka)** Wykorzystaj Dot-Plot do analizy DNA cytochromu b spośród dostarczonych (DNA) i znalezionych (białko - cyt.b) danych. Poznaj opcje tego narzędzia, zwróć uwagę na filtrację. Czy wyniki dla sekwencji nukleotydowych i białkowych są podobne?