## Домашнее задание 2

Срок — утро 4 июня 2025

- 1. Из следующего списка метаболических путей выберите один:
  - о от глутамата до аргинина
  - о т пентозофосфатного пути до инозина монофосфата
  - о от аспартата до метионина
- 2. Выберите одну из хорошо изученных бактерий, например:
  - o Escherichia coli
  - o Bacillus subtilis
  - o Mycobacterium tuberculosis
  - ...<любую другую>
- 3. Пользуясь базой KEGG, найдите ферменты выбранной бактерии, вовлечённые в выбранный метаболический путь
- 4. Найдите и сохраните в файле геномные последовательности длиной 200, предшествующие старт-кодонам генов найденных ферментов (не забывайте, что ген может быть на любой из двух цепей ДНК, не обязательно на той, что внесена в Genbank)
- 5. Найдите сервер МЕМЕ *либо* скачайте и установите МЕМЕ на свой компьютер
- 6. Найдите мотивы:
  - о с требованием палиндромности
  - о без требования палиндромности
- 7. Опишите найденные мотивы (а также различия в результатах между двумя запусками MEME). Не надо вставлять в отчёт всю выдачу программы, опишите всё существенное и проиллюстрируйте изображениями из выдачи.
- 8. Повторите 5–7 с использованием Gibbs sampler

Отчёт в формате pdf присылайте на адрес <u>sspirin@hse.ru</u>. Как и любой отчёт, он должен быть понятен постороннему читателю без обращения к тексту задания. В отчёте должны быть описаны не только результаты, но и методы, в достаточной степени для воспроизведения работы. В частности, надо написать, как именно находились и вырезались последовательности перед генами (включая AC записей банков последовательностей и координаты в них).