

14. Ein Primer für das Ende der bekannten Sequenz wird vorgestellt, von dem die Dokumentation bekannt kann. Der Primer soll an der Grenze zwischen die unbekannte und unbekannte Region liegen X wir wollen es nicht übersetzen, sondern lexieren

Aber der obige beschreibende Primer wird für PCR benötigt. Für den anderen Primer soll eine spezielle oder vorverbekanntes, seien \geq des untersuchenden Bereiches verwendet X

Das Genom ist nicht kontinuierlich gelagert, so wir können nicht davon ausgehen, dass beide Enden der bekannten Gen in einer Probe anwesen sind.

Wir sollen diese Tatsache nutzen, indem wir isolieren die Sequenzen, die eine ~~der~~ Ende der bekannten Gen enthalten, isolieren. Wie diese Isolierung stattfindet wird im Buch nicht erklärt

15. Aminosäuresequenz. Wege indem ~~es~~ es kann

Ala - Thr - Ser - Gln - Pro - Ile 576

Thr - Pro - Asp - Met - Phe - Lys 32

Cys - Val - Ile - Asn - Lys - Ile 96

Arg - Ser - Met - Leu - Gln - Ile 864 -

Beste Sequenz

16. weil Hunde genetisch ähnlich, aber bei Größe und anderer physische Merkmale sehr unterschiedlich sind. Auch weil es viele Formen/Hunderasse gibt.

17. Abb 5.28 - Chromosom 2. ✓