**Praktika z bioinformatiky**

ORF a Preference kodonů

Jméno:

Příjmení:

1. Vysvětlete pojem ORF
2. Co je to centrální dogma molekulární biologie
3. Jaká je funkce ribozomu?
4. Vyberte si jeden z poskytnutých genomů.
   1. Jakou má délku?
   2. Kolik se v něm nachází start kodonů?
   3. Nalezněte veškeré potenciální transkribované sekvence

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **ID** | **ORF** | **Interval** | **Délka** |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |

1. Všechny sekvence uložte do jednoho FASTA souboru.
2. Sekvence analyzujte pomocí NCBI Blastn.
   1. Co je to BLAST?

Udelej to pomoci NCBI

* 1. Které sekvence byly identifikovány jako shodné?
  2. Jaké je jméno organismu, jehož genom jste si vybrali?

1. Co je to preference kodonů?

(codon-bias) = kodony, ktere se používají častěji než jiné pro tu stejnou amk.

1. Jaký má vliv tRNA na rychlost translace?
2. Popište parametr RSCU.
3. Popište parametr CAI.
4. Spočítejte CAI pro všechny poskytnuté mitochondriální geny dostupných organismů.
5. Data následně vyčistěte a upravte názvy.
6. Určete, který gen má obecně nejvyšší hodnotu CAI v poskytnutém souboru.
7. Vykreslete rozložení CAI, pro 13 mitochondriálních genů (COX1, COX2, COX3, ATP8, ATP6, CYTB, ND1-6, ND4L).