

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU
FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

ZAVRŠNI RAD br. 2324

**Orthobalancer: aplikacija za
kreiranje skupova bioloških vrsta
usporedive taksonomijske širine**

Ivan Slijepčević

Zagreb, svibanj 2012.

*Umjesto ove stranice umetnite izvornik Vašeg rada.
Da biste uklonili ovu stranicu obrišite naredbu \izvornik.*

zahvale

SADRŽAJ

Popis slika	v
Popis tablica	vi
1. Uvod	1
2. Teoretski uvod	2
2.1. Homologija proteina	2
3. Podaci	3
4. Metode	4
5. Implementacija	5
6. Rezultati	6
7. Zaključak	7
Literatura	8

POPIS SLIKA

POPIS TABLICA

1. Uvod

2. Teoretski uvod

ključna uloga proteina

srodnost / evolucija / otkrivanje

2.1. Homologija proteina

Homologija u biološkom smislu predstavlja slične osobine među vrstama na različitim razinama organizacije života, poput organa, tkiva, stnice ili molekule. Homologne osobine uočene među jedinkama različitih vrsta obično upućuju na zajedničke pretke tih vrsta u evoluciji. Međutim, u molekularnoj biologiji termin homolog se često koristi i za naznačavanje sličnosti, bez obzira na genetsko srodstvo [1]

Za homologne sekvence proteina kažemo da su ortologne kad su direktni potomci neke sekvence u zajedničkom pretku, bez da su prošle duplikaciju gena. Drugim riječima, ortologne sekvence se mogu naći u jedinkama različitih vrsta, a obavljaju istu funkciju u svim tim vrstama. Paralogne sekvence su homologne sekvence koje su nastale od dvije različite kopije nekog gena koji je prošao kroz proces duplikacije gena u nekom zajedničkom evolucijskom pretku. Paralozi se mogu naći u jedinkama jedne ili više vrsta te obavljaju slične funkcije.

chart ortho-para

ideja...

3. Podaci

s FASTA formatu

blast nr baza

taxonomy baza

ulaz

izlaz

4. Metode

pipeline neki dijagram za pipeline (sequence / activity / state)

tax dio pseudokod

neki sequence dijagram za sve

izlaz

server slike (ulaz, zamjenjivi, izvršavanje, kraj, error)

5. Implementacija

python

flask

jQuery

automatizacija

robusnost

stvarna arhitektura dijagram (class/moduli) vs pipeline (nebitna brzina izvođenja,
lakša obrada podataka iz memorije)

6. Rezultati

7. Zaključak

LITERATURA

- [1] Andreas D. Baxevanis. *Bioinformatics and The Internet*. John Wiley Sons, Inc., 2002. ISBN 9780471223924.

**Orthobalancer: aplikacija za kreiranje skupova bioloških vrsta usporedive
taksonomijske širine**

Sažetak

Ključne riječi:

**Orthobalancer: web application for creation of taxonomically balanced sets of
orthologous protein sequences**

Abstract

Keywords: