

שימוש בכלי sequence alignment:

[Meme](#) הוא כלי אינטרנטי לחיפוש מוטיבים משותפים למספר רב של רצפים. את הרצפים ניתן להקליד ידנית או להעלותם בקובץ טקסט, למשל בפורמט fasta. זהו פורמט טקסט המכיל מידע כללי (שם ומקור, למשל) לכל רצף, ואת הרצף עצמו.


```
>ARG81;NM_001182459.1;iYML098W
AAAAAAAAAGATAAGTCTATTCGAATAGACTTATCTGATATAGCTACTTGGCAGGCCCGTT
GTACATATGTCCCTTTGATTTATTAATTAGGCGTTTGCTCTATAAAAGGGGTTTTGAGTT
TGCGTTGGTGTGAACAAAAACACTAGAAAGATAAGTAAGTGTCAATGACCAATG
CATTGTTTTCTTATTTATCTTATCGATATTTTCCAAGTAAAACTTAGGATTCAACTGG
TACATTTATTCTTTTAGATTCAACGCCACTTCGAAACCCTGCTACATTAGTAACGGCAAA
TGATAGTTGTGTGCAATACAGATAAGTCAGCTGTGAGCATTGGATAGTTAAGATGTATT
CACCGCCTGAAACAGCAACTTAAGCTCCCTTCTGTGCTTAGGAAGGTACGTGCGCCTCCT
AACCCATCTAAGATAAGTTATTTGATTCTAAGTCACAACGAGCCTGTACTAACGAGTTTT
ATCGTTATCAGTAAAAATGTCTCTGCGGTAAAGATAAGGTTATTTTACTATTATATT
ATACATATTGCTAG
>AVT1;NM_001181658.1;iCEN10
TTTAATAATTAGTAGAGTTGTTGAGAACGAGTATAATATTTTTTTTTTTTTTTTTTTG
TAGGTTCTTTGGCCATCCTAAATAGAATAAGCATCCACAACAACCTAACTGGTATTTTG
TATACACAACGCGTCTTGGTTAGGCATCTGTTTGTGTTTAGCTATTGTTTCATCGCGTTT
TTTTTTCTTATCTCTTTACCGAGGGGCGAAATAGCGATAGATCGAGAATATAAATAA
ATAAATATTGTTGTGTTGTGTAGTTCTAAAGAAAAATTTTACAGTGAAAGGTAACACC
GGGAGTCATTACGTAGACTTACGTATTCTGTATAACTGATTCCGAGACGCA
```

את הקובץ הרצוי באפשרותכם להעלות כאן:

Data Submission Form

Perform motif discovery on DNA, RNA, protein or custom alphabet datasets.

Select the motif discovery mode ?

☒ Classic mode ☐ Discriminative mode ☐ Differential Enrichment mode 

Select the sequence alphabet

Use sequences with a standard alphabet or specify a custom alphabet. ?

☒ DNA, RNA or Protein ☐ Custom

Choose File No file chosen

Input the primary sequences

Enter sequences in which you want to find motifs. ?

Upload sequences ?

Choose File No file chosen ?

Select the site distribution

How do you expect motif sites to be distributed in sequences? ?

Zero or One Occurrence Per Sequence (zoops) ?

Select the number of motifs

How many motifs should MEME find? ?

3

Input job details

(Optional) Enter your email address. ?

(Optional) Enter a job description. ?

► Advanced options

Note: if the combined form inputs exceed 80MB the job will be rejected.

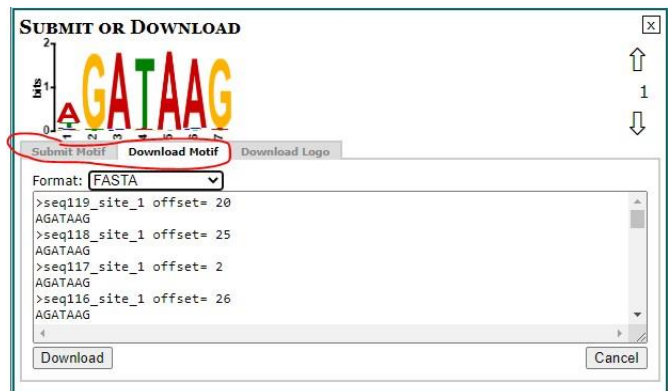
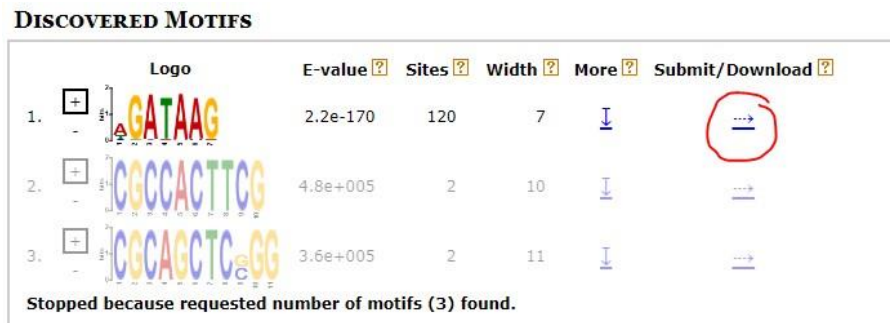
Start Search

Clear Input

למeme יש מגוון של הגדרות חיפוש שונות. אתם מוזמנים לשחק איתן, אבל לצורך התרגיל נשאר עם ברירות המחדל.

את תוצאות החיפוש ניתן לקבל במספר צורות שונות. MEME HTML output תציג בדפדפן את המוטיבים שנמצאו ואת מיקומם על גבי הרצפים.

את הלוגו ניתן ליצור באמצעות הכלי [Weblogo](#). תצטרכו להוריד את התוצאות מmeme בפורמט fasta ולהעלותן לweblogo. ניתן ליצור לוגו שכיחות ואינפורמציה.



באותו החלון, תחת הלשונית submit motif ניתן להעביר את תוצאות החיפוש ישר לFIMO.

FIMO מקבל רשימה של מוטיבים ומתאים אותם לרשימה נוספת של רצפי מטרה, אותם גם ניתן להעלות כקובץ fasta.

Data Submission Form

Scan a set of sequences for motifs.

Input the motifs

Enter motifs you wish to scan with.

Submitted motifs
DNA

Input the sequences

Enter sequences or select the database you want to scan for matches to motifs.

☐ Enable tissue/cell-specific scanning

Ensembl Ab Initio Predicted Proteins

User supplied

Type in sequences

Upload sequences

Databases (select category)

Ensembl Ab Initio Predicted Proteins

Ensembl Fungi Genomes and Proteins

Ensembl Genomes and Proteins

Ensembl Metazoa Genomes and Proteins

Ensembl Plant Genomes and Proteins

Ensembl Protists Genomes and Proteins

GenBank Bacteria Genomes and Proteins

GenBank Fungi Genomes and Proteins

Other Databases

UCSC Deuterostome Genomes

UCSC Insect Genomes

UCSC Mammal Genomes

UCSC Nematode Genomes

UCSC Other Genomes

UCSC Vertebrate Genomes

Upstream Sequences: Fungal

PROTEIN

Version 5.4.1

Please send comments and questions to: meme-suite@uw.edu

Powered by Opal

[Home](#) [Documentation](#) [Downloads](#) [Authors](#) [Citing](#)

ב"הגדרות נוספות" בתחתית העמוד שנו את רף ה p -value ל0.001.

תוצאת החיפוש של FIMO היא טבלה המכילה את כל הרצפים בהם נמצא המוטיב המבוקש. על מנת להשוות את רשימות גני המטרה בין שני פקטורי השעתוק השתמשו באקסל, שפת תכנות כלשהי, או כל כלי אחר שיהיה לכם נוח.

שימו לב שרצף המוטיב עשוי להופיע יותר מפעם אחת על רצף מטרה, והטבלה עשויה להכיל כפילויות.