

SLOVENSKÁ POĽNOHOSPODÁRSKA UNIVERZITA V NITRE

Fakulta agrobiológie
a potravinových zdrojov

Katedra genetiky
a šľachtenia rastlín

doc. Ing. Katarína Ražná, PhD. – prof. RNDr. Milan Bežo, CSc.
doc. PaedDr. Ing. Jana Žiarovská, PhD. – Ing. Veronika Štefúnová, PhD.

NÁVODY NA CVIČENIA Z GENOMIKY A BIOINFORMATIKY – METÓDY POROVNÁVANIA A FYLOGENETICKÉ VZŤAHY SEKVENCÍ

PRAKTIKUM

Nitra 2018
Vydala Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre
vo Vydavateľstve SPU

Autori: doc. Ing. Katarína Ražná, PhD. (2,14 AH)
Katedra genetiky a šľachtenia rastlín
FAPZ, SPU v Nitre

prof. RNDr. Milan Bežo, CSc. (1 AH)
Katedra genetiky a šľachtenia rastlín
FAPZ, SPU v Nitre

doc. PaedDr. Ing. Jana Žiarovská, PhD. (1 AH)
Katedra genetiky a šľachtenia rastlín
FAPZ, SPU v Nitre

Ing. Veronika Štefúnová, PhD. (1 AH)
Katedra genetiky a šľachtenia rastlín
FAPZ, SPU v Nitre

Recenzenti: doc. Ing. Juraj Candrák, PhD.
Mgr. Ildikó Matušíková, PhD.

Schválil rektor Slovenskej poľnohospodárskej univerzity v Nitre dňa 28. 6. 2018
ako skriptá pre študentov SPU.

© K. Ražná, M. Bežo, J. Žiarovská, V. Štefúnová,, Nitra 2018

ISBN 978-80-552-1859-5

OBSAH

Predhovor	
1 Úvod	7
2 Párové prirovnávanie sekvencií	8
2.1 Globálne a lokálne prirovnávanie sekvencií	10
2.2 Vizuálne zobrazenie podobnosti prirovnávaných sekvencií	11
2.3 Skórovacie matice	11
2.3.1 PAM matice	12
2.3.2 BLOSUM matice	12
2.3.3 Podmienky výberu skórovacích matíc	13
2.4 Skórovacie matice nukleotidov	14
2.4.1 Medzery a medzerové pokuty (penalty)	14
2.5 Algoritmus BLAST (<i>Basic Local Alignment Search Tool</i>)	14
2.5.1 Aplikácie nástroja BLAST	17
2.5.2 Parametre nástroja BLAST pre prirovnávanie bielkovín	25
2.5.3 Parametre nástroja BLAST pre prirovnávanie preložených sekvencií (blastx/tblastn)	28
2.5.4 Výstup a interpretácia výsledkov analýz BLAST	30
3 Viacnásobné prirovnávanie sekvencií	35
3.1 Prirovnávanie sekvencií na základe ich štruktúry	35
3.2 Postup viacnásobného prirovnávania sekvencií	36
3.3 Výstup a interpretácia výsledkov analýz Clustal Omega	42
4 Fylogenetické vzťahy biologických dát a sekvencií	45
4.1 Princíp konštrukcie dendrogramov	47
4.2 UPGMA analýza	52
5 Úlohy	61
6 Slovensko-anglická terminológia	65
7 Zoznam použitej literatúry	70

Predhovor

Návody na cvičenia z genomiky a bioinformatiky - metódy porovnávania a fylogenetické vzťahy sekvencií, sú pokračovaním študijnej literatúry z oblasti genomiky a bioinformatiky, ktorej prvá časť bola venovaná biologickým databázam a databázovým záznamom. Zámerom autorov bolo pripraviť študijnú nadstavbu venovanú pokročilým postupom bioinformatiky, ktoré zahŕňajú analýzy na úrovni sekvencií nukleotidov, posudzovanie podobnosti sekvencií a fylogenetické analýzy.

Tak, ako pri predchádzajúcom titule, je toto praktikum určené pre študentov predmetov Genomika a bioinformatika, Genetické technológie rastlín a Rastlinné biotechnológie, ale aj ďalšie odbory a programy univerzitného smeru. Učebné texty názornou formou (42 obrázkov) uvádzajú jednotlivé kroky aplikácie používaných bioinformačných algoritmov. Súčasťou textu sú sumarizačné a text dopĺňajúce tabuľky (12 tabuliek), úlohy a slovensko-anglická terminológia.

Vzhľadom na progresívne sa vyvíjajúce bioinformačné metódy a nástroje a ich komplexnosť, bolo snahou autorov poskytnúť informácie v rozsahu, ktorý umožní študentovi aplikovať základné postupy a interpretovať získané výsledky.

Autori vyjadrujú poďakovanie recenzentom Mgr. Ildikó Matušíkovej, PhD. a doc. Ing. Jurajovi Candrákovi, PhD. za zodpovedné zhodnotenie rukopisu, cenné pripomienky a návrhy pre skvalitnenie obsahovej stránky publikácie. Poďakovanie tiež vyjadrujú svojim najbližším za zázemie vytvárané pre vedeckú a pedagogickú realizáciu.

Autori

1 Úvod

V ostatných rokoch je zrejmé, že pre profesijnú špecializáciu jednotlivca a realizáciu špičkového výskumu biologického zamerania, je jedným z kľúčovým faktorov schopnosť kombinovať laboratórne a počítačovo založené prístupy synergickým spôsobom. Uvedený postup umožňuje výskumníkovi efektívnejšie navrhovať experimenty, na základe aplikácie databáz a nástrojov bioinformatiky, a následne uľahčuje aj analýzy rozsiahlych súborov dát. Prirovnávanie dvoch či viacerých sekvencií a zisťovanie miery ich vzájomnej podobnosti je centrálnou témou praktickej bioinformatiky. Využitie digitálnych symbolov umožňuje podobnosť dvoch sekvencií nielen kvalitatívne zisťovať, ale aj kvantitatívne merať. V mnohých prípadoch musí výskumník pre pochopenie súvislostí, rozšíriť analýzy smerom k evolučným vzťahom. Porozumenie fylogenetických vzťahov je nevyhnutné pre identifikáciu nových génov, zisťovanie pôvodu genetických ochorení, charakterizáciu polymorfizmu genómov a mnohých ďalších súvislostí.

Autori	doc. Ing. Katarína Ražná, PhD. prof. RNDr. Milan Bežo, CSc. doc. PaedDr. Ing. Jana Žiarovská, PhD. Ing. Veronika Štefúnová, PhD.
Názov	NÁVODY NA CVIČENIA Z GENOMIKY A BIOINFORMATIKY – METÓDY POROVNÁVANIA A FYLOGENETICÉ VZŤAHY SEKVENCIÍ
Určené	Pre študentov SPU
Vydavateľ	Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre
Vydanie	Prvé
Vytlačené	Júl 2018
Náklad	100 kusov
Počet strán	70
AH-VH	5,14-5,28
Tlač	Vydavateľstvo SPU v Nitre
ISBN 978-80-552-1859-5	Cena 2,30 €

Rukopis neprešiel redakčnou úpravou vo vydavateľstve.
Za odbornú náplň vydania zodpovedajú autori.

