

Sekvenssoftware til løsning af eksamensopgaver

Der har været en del opgaver i studentereksamenssæt både i biologi og bioteknologi hvor sekvenser eller stamtræer skal analyseres. I det følgende skitseres hvorledes software kan bruges i den forbindelse. Se kilderne sidst i denne vejledning for at se hvilke eksamensopgaver om fylogeni og sekvensanalyse der indgår. Ligeledes er sekvenserne der anvendes i disse eksempler, opskrevet i fasta-formatet sidst i dette dokument og kan direkte kopieres ind i et UNICODE-tekstprogram og anvendes dér.

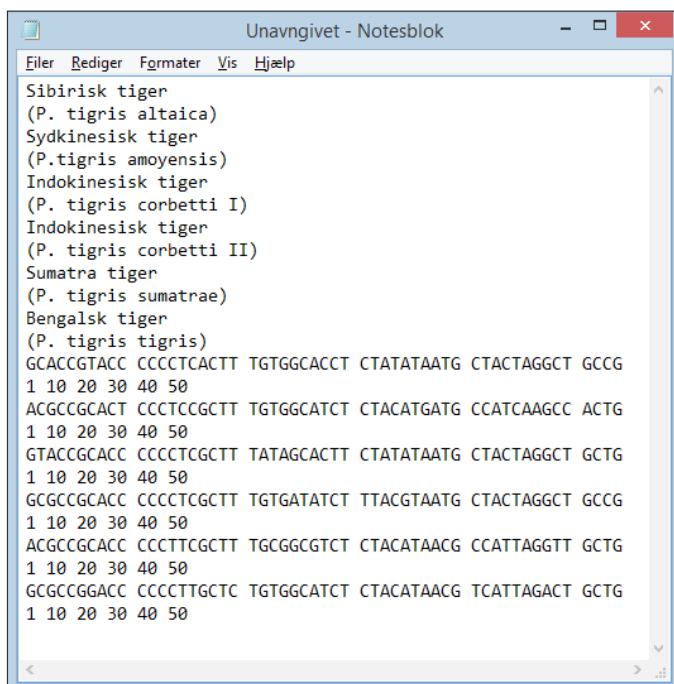
Analyse af stamtræer

I opgaverne med afbillede stamtræer, fx 'genetisk variation hos kronstyr', 'den afrikanske elefant', 'giraffer' og 'hvalros og remmesæl', er der stamtræer der skal analyseres. Det er vigtigt at bruge begreberne fra bogen 'Regn med biologi' i analysen af stamtræerne så fagsproget bliver korrekt. Ligeledes skal man være opmærksom på at det der adskiller arterne, er længden af de vandrette streger, og man bør betragte alle stamtræer som træer uden rod hvor alle arter hele tiden udvikler sig væk fra hinanden, når der ikke længere sker en opblanding af genpuljerne. Det vil sige at selvom en outgroup udgør en lang streg, er der forskel på organismen ved grenens begyndelse og ved grenens spidser – længden af grenen viser hvor stor forskel der er. Se 'Regn med biologi' side 76-78.

Der har i flere studentereksamenssæt været opgaver hvor man ud fra sekvensdata skal kunne udtale sig om afstammingsforhold eller genetisk variation – se kildelisten. For at løse disse opgaver kan det være nødvendigt at skitsere et stamtræ eller fremstille en afstandsmatrix fordi det på en overskuelig måde viser de forskelle, der er i sekvenserne. De fleste opgaver findes i pdf-format, og det er muligt at kopiere sekvensdataene ind i et tekstbehandlingsprogram. Den videre analyse er lidt forskellig efter om der bruges Mac eller pc, og de to veje behandles derfor herefter i hver sit afsnit:

Analyse af sekvensdata med pc

Det er muligt at kopiere sekvensdataene ind i et tekstbehandlingsprogram som 'Notesblok til Windows' Disse skal gemmes i fasta-formatet og kan derefter direkte indlæses i Geneious eller MEGA. Man begynder med at kopiere fra pdf-filen og sætte det ind i Notesblok. Se figur 1. Her er anvendt data fra opgaven fra 2006 om truede tigre.



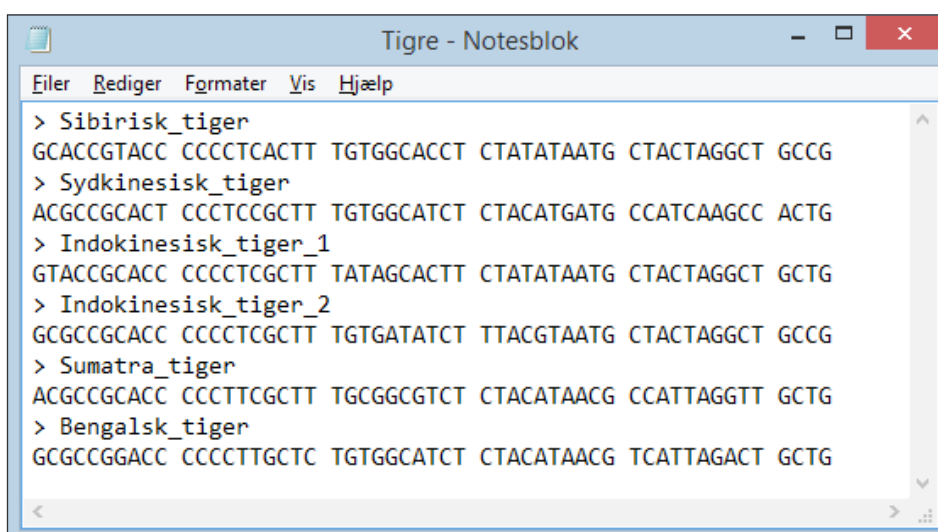
```

Sibirisk tiger
(P. tigris altaica)
Sydkinesisk tiger
(P.tigris amoyensis)
Indokinesisk tiger
(P. tigris corbetti I)
Indokinesisk tiger
(P. tigris corbetti II)
Sumatra tiger
(P. tigris sumatrae)
Bengalsk tiger
(P. tigris tigris)
GCACCGTACC CCCCTCACTT TGTGGCACCT CTATATAATG CTA CTAGGCT GCCG
1 10 20 30 40 50
ACGCCGCACT CCCTCCGCTT TGTGGCATCT CTACATGATG CCATCAAGCC ACTG
1 10 20 30 40 50
GTACCGCACC CCCCTCGCTT TATAGCACTT CTATATAATG CTA CTAGGCT GCTG
1 10 20 30 40 50
GCGCCGCACT CCCCTCGCTT TGTGATATCT TTACGTAATG CTA CTAGGCT GCCG
1 10 20 30 40 50
ACGCCGCACT CCCTCCGCTT TCGCGCTCT CTACATAACG CCATTAGGTT GCTG
1 10 20 30 40 50
GCGCCGCACT CCCCTTGCTC TGTGGCATCT CTACATAACG TCATTAGACT GCTG
1 10 20 30 40 50

```

Figur 1. Data kopieret direkte fra pdf-filen med opgaven ind i tekstbehandleren Notesblok.

Herefter skal data stilles op så det svarer til fasta-formatet. Det betyder at hver sekvens skal have en overskrift, der begynder med tegnet 'større end' (>). Efter det skrives typisk navnet på organismen i ét ord. På linjen under dette skrives sekvensen som hører til overskriften. Man behøver ikke at tage sig af mellemrum mellem data i sekvensen; bogstaverne læses i rækkefølge. Herefter kan man skive en ny overskrift og en ny sekvens ind og dermed konvertere tabeldata fra opgavesættet til fasta-formatet. Se figur 2. Så skal filen gemmes som fx tigre.fasta. Det gøres ved at vælge 'Filer' → 'Gem som'. Herefter skrives et filnavn, og i dialogboksens felt 'Filtype' skiftes fra *.txt til 'Alle filer' HUSK DET. Se figur 3. Gem filen på Skrivebordet.

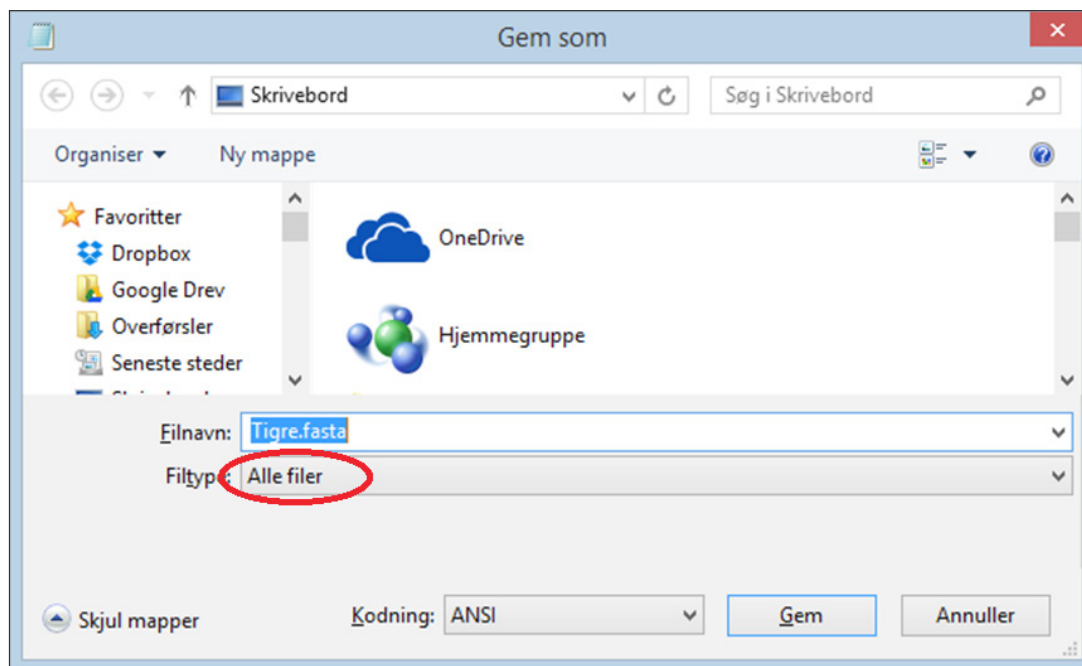


```

> Sibirisk_tiger
GCACCGTACC CCCCTCACTT TGTGGCACCT CTATATAATG CTA CTAGGCT GCCG
> Sydkinesisk_tiger
ACGCCGCACT CCCTCCGCTT TGTGGCATCT CTACATGATG CCATCAAGCC ACTG
> Indokinesisk_tiger_1
GTACCGCACC CCCCTCGCTT TATAGCACTT CTATATAATG CTA CTAGGCT GCTG
> Indokinesisk_tiger_2
GCGCCGCACT CCCCTCGCTT TGTGATATCT TTACGTAATG CTA CTAGGCT GCCG
> Sumatra_tiger
ACGCCGCACT CCCTCCGCTT TCGCGCTCT CTACATAACG CCATTAGGTT GCTG
> Bengalsk_tiger
GCGCCGCACT CCCCTTGCTC TGTGGCATCT CTACATAACG TCATTAGACT GCTG

```

Figur 2. Data fra figur 1 omsat til fasta-formatet.



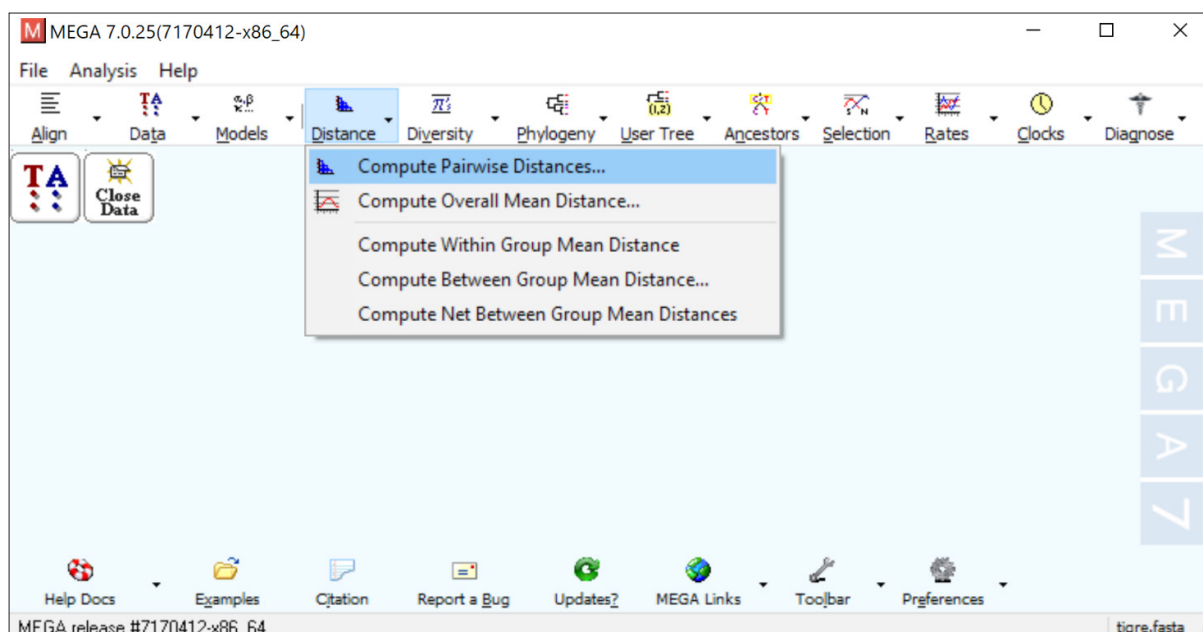
Figur 3. Husk at ændre filtypen når der gemmes i fasta-formatet.

Fasta-formatet er en universel filtype til at importere og eksportere filer der indeholder sekvensdata. Fasta-filer kan derfor både åbnes af MEGA og Geneious. OBS: DET ER VIGTIGT AT BRUGE MEGA 7 TIL PC – DA UPGMA-STAMTRÆER FOR NÆRVÆRENDE TEGNES FORKERT I SENERE UDGAVER AF MEGA.

Først gennemgås hvorledes man fremstiller en afstandsmatrix i MEGA ud fra sekvensdata. Bagest i denne hjælpefil er sekvenserne skrevet ind i fasta-formatet så de er lige til at kopiere ind og anvende til dette formål.

Åben MEGA og træk filen tigre.fasta ind i programmet. Herefter skal MEGA vide noget om indholdet af fasta-filen. Det første der spørges om, er om filen skal analyseres eller alignes. Vælg 'Analyze' – idet opstillede sekvenser er alignet, med mindre andet er angivet. Herefter skal der svares på hvilken type sekvens det er – vælg 'Nucleotide Sequences' og tryk 'OK'. Det sidste spørgsmål man skal svare på, er om sekvensen koder for et protein. Til det spørgsmål svares nej: Tryk på 'No'. DET ER VIGTIGT AT HUSKE ET NEJ HER. Meget hurtigt vil man komme til at trykke 'Yes' for det er man vant til, men med mindre det er proteinkodende DNA, skal der svares 'No'.

Vælg herefter 'Compute Pairwise Distances...'. Se figur 4. Og svar efterfølgende ja til at bruge de indlæste data til at udregne den parvise forskel: Tryk 'Yes'.

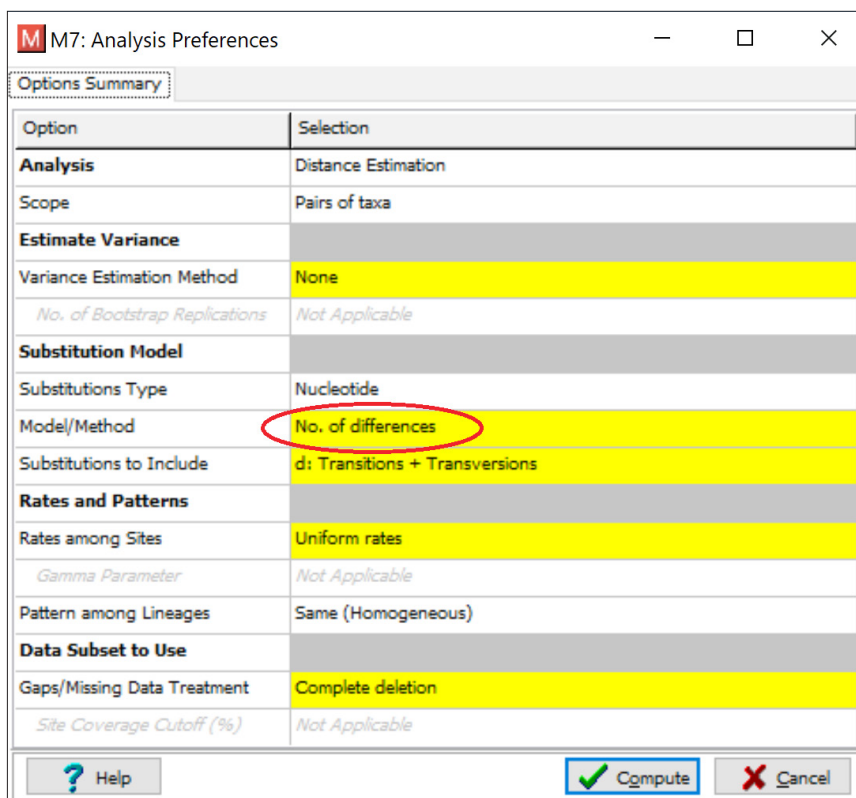


Figur 4. MEGA kan bruges til at udregne en afstandsmatrix.

Herefter skal præferencerne sættes for hvordan afstandsmatrixen skal fremstilles. Ved de fleste opgavetyper er det fint at sammenligne antallet af forskelle mellem de enkelte sekvenser som svarer til det, man kan tælle manuelt. Derfor sættes 'Model/Method' til 'No. of differences'. Se rød ring på figur 5.

Det færdige resultat bliver en afstandsmatrix der viser, hvor store forskellene er mellem de enkelte tigerarter, eller egentlig viser afstandsmatrixen hvor store forskelle, der er i de enkelte sekvenser, når man sammenligner dem parvis. Der hvor det mindste tal er stort, er der mindst forskel mellem de to sekvenser, og de to taxa er derfor tættest beslægtede. Det omvendte gælder for de to fjernest beslægtede taxa. Se figur 6.

Man kan ved ikonet hvor der står '0.00↑', få vist flere decimaler og ved ikonet med '0.0↓' få vist færre decimaler. Hvis man kun skal tælle forskelle, er brug af heltal det mest korrekte. Andre afstandsmetoder, se 'Regn med biologi', bør præsenteres med maksimalt det antal decimaler som sekvenslængderne kan berettige. Sammenlignes 1000 baser, kan decimaltallet maksimalt være tre decimaler.



Figur 5. Opsætning af hvorledes afstandsmatrixen skal tegnes.

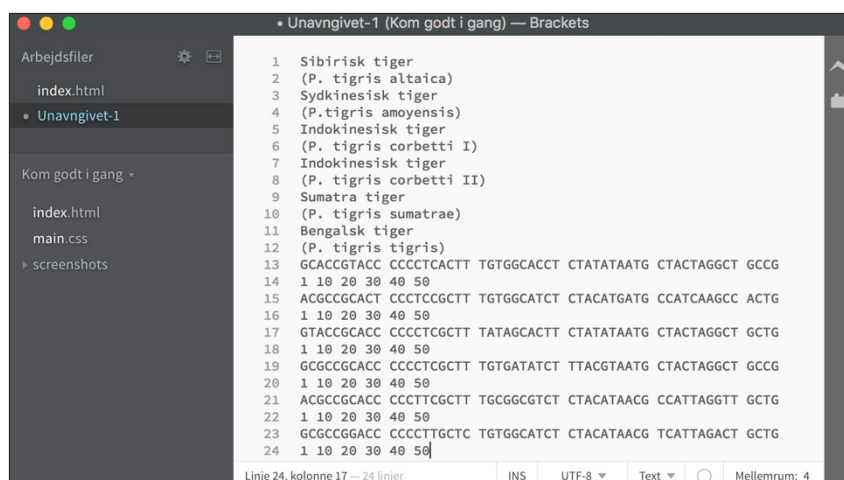
	1	2	3	4	5	6
1. Sibirisk Tiger	1					
2. Sydkinesisk Tiger	17	1				
3. Indokinesisk Tiger 1	7	18	1			
4. Indokinesisk Tiger 2	9	16	12	1		
5. Sumatra Tiger	14	11	15	13	1	
6. Bengalsk Tiger	13	15	15	13	10	1

Figur 6. Afstandsmatrix der viser forskellen mellem sekvenserne for de enkelte arter tigre.

Analyse af sekvensdata med Mac

Når man skal arbejde med sekvensdata på en Mac, løber man ind i det problem at Mac ikke har en UNICODE-teksteditor installeret. Det skal derfor gøres først. Nyere Mac-styresystemer kan ikke køre 32 bit-programmer og en del af de gratisprogrammer der findes til UNICODE-tekstbehandling, er derfor ikke længere brugbare. Hent derfor 'Brackets' på <http://brackets.io/>

og installér programmet. Når man åbner Brackets fra Launchpad første gang, skal man svare at det er i orden at åbne et program hentet fra internettet. Klik 'Åbn'. Programmet starter desværre ikke op med en tom side, men med en velkomstsider. Vælg derfor 'Filer' → 'Ny'.



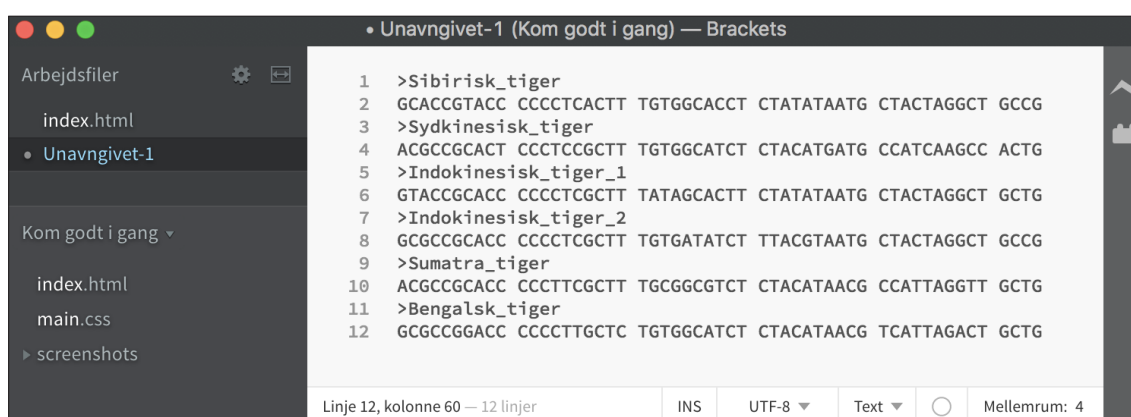
```

1 Sibirisk tiger
2 (P. tigris altaica)
3 Sydkinesisk tiger
4 (P.tigris amoyensis)
5 Indokinesisk tiger
6 (P. tigris corbetti I)
7 Indokinesisk tiger
8 (P. tigris corbetti II)
9 Sumatra tiger
10 (P. tigris sumatrae)
11 Bengalsk tiger
12 (P. tigris tigris)
13 GCACCGTACC CCCCTCACTT TGTGGCACCT CTATATAATG CTA CTACTAGGCT GCCG
14 1 10 20 30 40 50
15 ACGCCGCACT CCCTCCGCTT TGTGGCATCT CTACATGATG CCATCAAGCC ACTG
16 1 10 20 30 40 50
17 GTACCGCACC CCCCTCGCTT TATAGCACTT CTATATAATG CTA CTACTAGGCT GCTG
18 1 10 20 30 40 50
19 GCGCCGCACT CCCCTCGCTT TGTGATATCT TTACGTAATG CTA CTACTAGGCT GCCG
20 1 10 20 30 40 50
21 ACGCCGCACT CCCTTCGCTT TCGGCGTCT CTACATAACG CCATTAGGTT GCTG
22 1 10 20 30 40 50
23 GCGCCGCACT CCCCTTGCTC TGTGGCATCT CTACATAACG TCATTAGACT GCTG
24 1 10 20 30 40 50
  
```

Figur 7. Data kopieret direkte fra pdf-filen med opgaven ind i tekstbehandleren Brackets.

Disse skal gemmes i fasta-formatet og kan derefter direkte indlæses i Geneious eller MEGA. Man begynder med at kopiere fra pdf-filen og sætte det ind i Brackets. Se figur 7. Her er anvendt data fra opgaven fra 2006 om true tigre.

Herefter skal data stilles op så det svarer til fasta-formatet. Det betyder at hver sekvens skal have en overskrift, der begynder med tegnet 'større end' (>). Efter det skrives typisk navnet på organismen i ét ord. På linjen under dette skrives sekvensen som hører til overskriften. Man behøver ikke at tage sig af mellemrum mellem data i sekvensen; bogstaverne læses i rækkefølge. Herefter kan man skrive en ny overskrift og en ny sekvens ind og dermed konvertere tabeldata fra opgavesættet til fasta-formatet. Se figur 8.

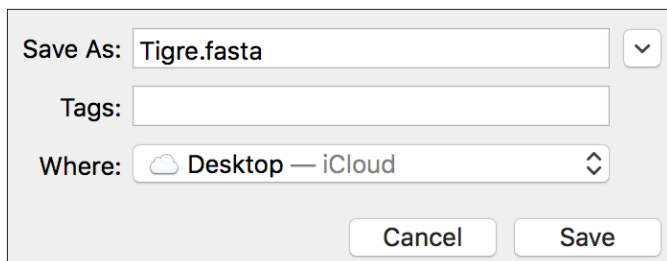


```

1 >Sibirisk_tiger
2 GCACCGTACC CCCCTCACTT TGTGGCACCT CTATATAATG CTA CTACTAGGCT GCCG
3 >Sydkinesisk_tiger
4 ACGCCGCACT CCCTCCGCTT TGTGGCATCT CTACATGATG CCATCAAGCC ACTG
5 >Indokinesisk_tiger_1
6 GTACCGCACC CCCCTCGCTT TATAGCACTT CTATATAATG CTA CTACTAGGCT GCTG
7 >Indokinesisk_tiger_2
8 GCGCCGCACT CCCCTCGCTT TGTGATATCT TTACGTAATG CTA CTACTAGGCT GCCG
9 >Sumatra_tiger
10 ACGCCGCACT CCCTTCGCTT TCGGCGTCT CTACATAACG CCATTAGGTT GCTG
11 >Bengalsk_tiger
12 GCGCCGCACT CCCCTTGCTC TGTGGCATCT CTACATAACG TCATTAGACT GCTG
  
```

Figur 8. Data fra figur 7 omsat til fasta-formatet.

Herefter skal filen gemmes som fx Tigre.fasta. Det gøres ved at vælge 'Filer → Gem som'. Herefter skrives et filnavn: Tigre.fasta. Se figur 9. Gem filen på Skrivebordet.



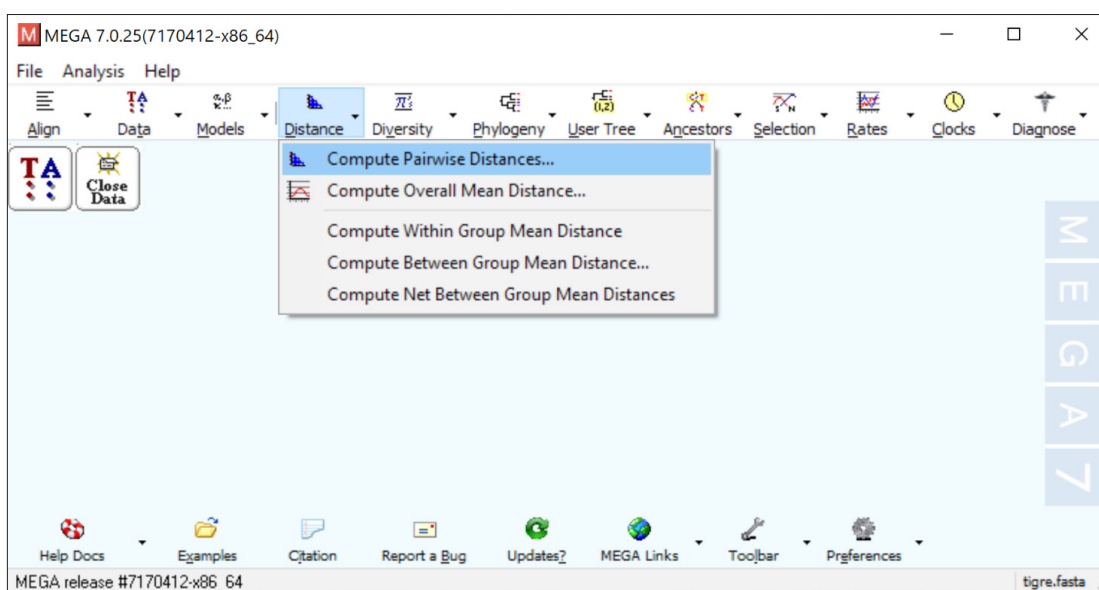
Figur 9. Husk at ændre filtypen når der gemmes i fasta-formatet.

Fasta-formatet er en universel filtype til at importere og eksportere filer der indeholder sekvensdata. Fasta-filer kan derfor både åbnes af MEGA og Geneious. **DET ER VIGTIGT AT BRUGE MEGA 6 TIL MAC – DA UPGMA-STAMTRÆER I ØJEBLIKKET TEGNES FORKERT I SENERE UDGAVER AF MEGA.**

Først gennemgås hvorledes man fremstiller en afstandsmatrix i MEGA ud fra sekvensdata. Bagest i denne hjælpefil er sekvenserne skrevet ind i fasta-formatet, så de er lige til at kopiere ind og anvende til dette formål.

Åben MEGA. Klik på 'File' → 'Open a File/Session...'. Navigér til 'Desktop' (Skrivebordet) i øverste del af dialogboksen. Klik herefter på 'Tigre.fasta' og 'Open'. Herefter skal MEGA vide noget om indholdet af fasta-filen. Det første der spørges om, er om filen skal analyseres eller alignes. Vælg 'Analyze' idet opstillede sekvenser er alignet, med mindre andet er angivet. Herefter skal der svares på hvilken type sekvens, det er – vælg 'Nucleotide Sequences' og tryk 'OK'. Det sidste spørgsmål man skal svare på, er om sekvensen koder for et protein. Til det spørgsmål svares nej: Tryk på 'No'. **DET ER VIGTIGT AT HUSKE ET NEJ HER.** Meget hurtigt vil man komme til at trykke 'Yes' for det er man vant til', men med mindre det er proteinkodende DNA, skal der svares 'No'.

Vælg herefter 'Compute Pairwise Distances...'. Se figur 10. Og svar efterfølgende ja til at bruge de indlæste data til at udregne den parvise forskel. Tryk 'Yes'.

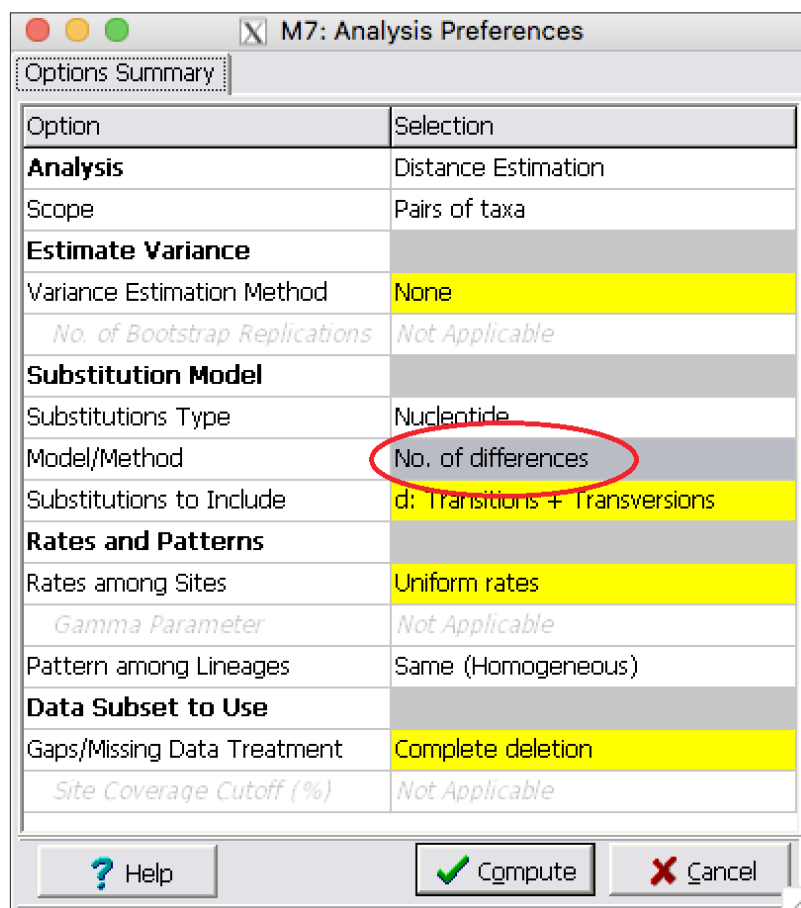


Figur 10. MEGA kan bruges til at udregne en afstandsmatrix.

Herefter skal præferencerne sættes for hvordan afstandsmatrixen skal fremstilles. Ved de fleste opgavetyper er det fint at sammenligne antallet af forskelle mellem de enkelte sekvenser, som svarer til det man kan tælle manuelt. Derfor sætte 'Model/Method' til 'No. of differences'. Se rød ring på figur 11.

Det færdige resultat bliver en afstandsmatrix der viser, hvor store forskellene er mellem de enkelte tigerarter, eller egentlig viser afstandsmatrixen hvor store forskelle der er i de enkelte sekvenser, når man sammenligner dem parvis. Der hvor det mindste tal står, er der mindst forskel mellem de to sekvenser, og de to taxa er derfor tættest beslægtede. Det omvendte gælder for de to fjernest beslægtede taxa. Se figur 12.

Man kan ved ikonet hvor der står '0.00↑', få vist flere decimaler og ved ikonet med '0.0↓' få vist færre decimaler. Hvis man kun skal tælle forskelle, er brug af heltal det mest korrekte. Andre afstandsmetoder, se 'Regn med biologi', bør præsenteres med maksimalt det antal decimaler som sekvenslængderne kan berettige. Sammenlignes 1000 baser, kan decimaltallet maksimalt være tre decimaler.



Figur 11. Opsætning af hvorledes afstandsmatrixen skal tegnes.

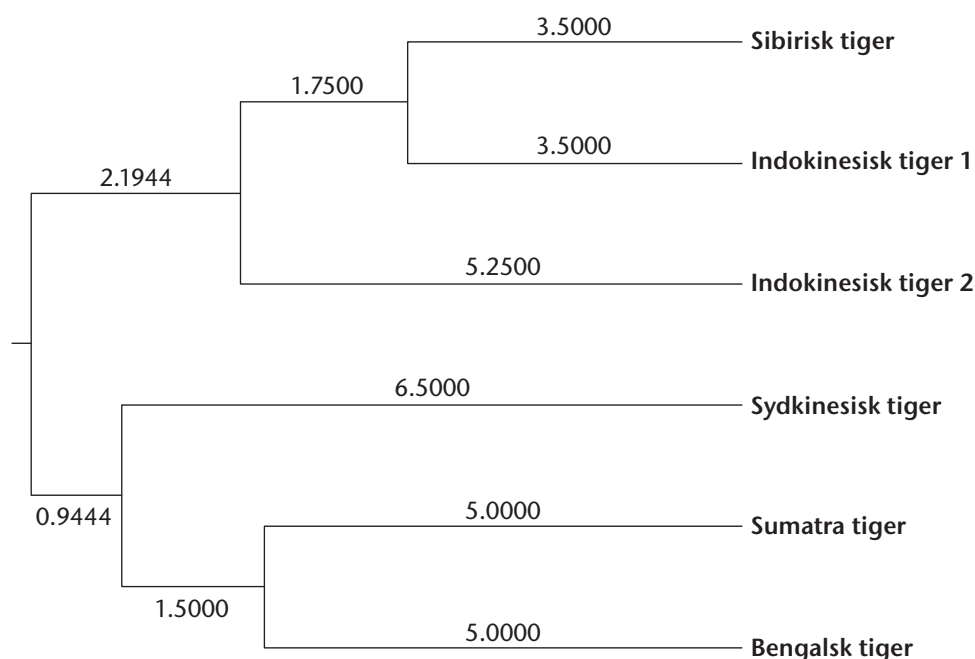
	1	2	3	4	5	6
1. Sibirisk tiger	1					
2. Sydkinesisk tiger	17	1				
3. Indokinesisk tiger 1	7	18	1			
4. Indokinesisk tiger 2	9	16	12	1		
5. Sumatra tiger	14	11	15	13	1	
6. Bengalsk tiger	13	15	15	13	10	1

Figur 12. Afstandsmatrix der viser forskellen mellem sekvenserne for de enkelte arter tigre.

Opgaveresultat for tigre for både pc og Mac

Det ses på afstandsmatrixen at de to tættest beslægtede arter er Indokinesisk tiger 1 og Sibirisk tiger – med 7 baseforskelle i den undersøgte sekvens. De to tigre der er fjernest beslægtede, er Sydkinesisk tiger og Indokinesisk tiger 1 med 18 forskelle i den undersøgte sekvens.

Herefter kan fremstilles et træ som man i opgaven bedes skitsere. Klik på 'Phylogeny-ikonet' og vælg 'Construct/Test UPGMA Tree'. Svar 'Yes' til at anvende de indlæste data. Vælg 'No. of differences' under 'Model/method'. Stamtræet er vist i figur 13. Er man fortrolig med sekvensværktøjet, er det en god måde at analysere og visualisere sekvensdata. Dette stamtræ viser de samme data som er udregnet i referencefilen 4.5.



Figur 13. Stamtræ af tigre ud fra data fra vejledende opgavesæt, 2006.

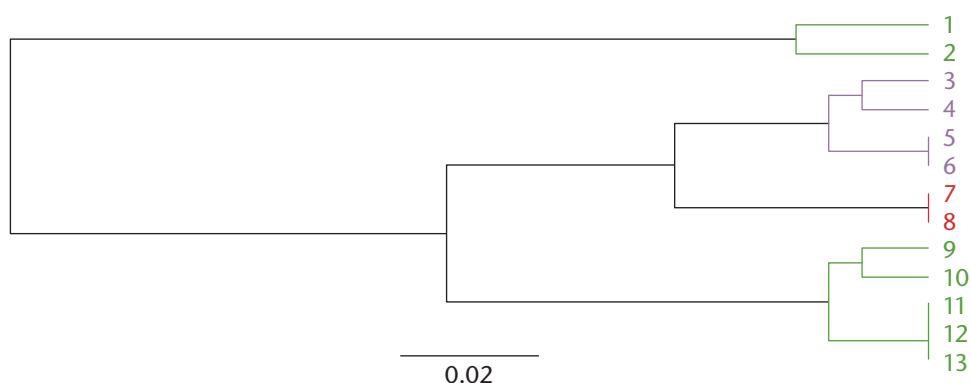
Dolkhaler

På samme måde som tidligere vist, kan man kopiere sekvensdata fra opgaven med dolkhaler fra august 2013 ind i tekstbehandlingsprogrammet (Pc: Noteblok, Mac: Brackets) og gemme som en fasta-fil. Et spørgsmål stillet i opgaven lyder: 'Redegør for baggrunden for de genetiske forskelle mellem dolkhaler vist i figur 4. Inddrag eksempler fra figuren.' Det er faktisk svært at se forskellene i det alignment der vises i opgaven, men man kan fremstille et stamtræ og vha. det illustrere de genetiske forskelle. Stamtræet ses i figur 8. Arterne i stamtræet er følgende: 1 og 2 er *Limulus polyphemus* fra USA's østkyst. 3-6 er *Tachypleus giga* hvor 3-5 stammer fra Thailands vestkyst, og 6 kommer fra Vietnam. 7-8 er *Tachypleus tridentatus* fra Kina, og 9-13 er *Carcinoscorpius rotundicauda* hvor 9-10 kommer fra Thailands vestkyst, og 11-13 kommer fra Vietnam. Det ses at *Tachypleus tridentatus* (7 og 8) slet ikke udviser genetiske forskelle i de analyserede sekvenser, fordi der ikke er en vandret linje mellem de to arter; de er alene adskilt af en lodret streg.

For at adskille arterne kan det være en god idé at give hver art forskellig farve så stamtræet understreger artsinddelingen. Se hvorledes man kan adskille taxa efter farver i 'Supplerende materiale 4.9' og i bogen 'Regn med biologi' side 98. Det er dog nemmest med Geneious og brug af 'Species Delimitation plugin'. Søg efter det via Google: 'Species Delimitation Geneious' og download det. Åben Geneious og dobbeltklik på det downloadede plugin i 'Overførsler'. Pluginet er installeret. Træk med musen filen Dolkhaler.fasta fra Skrivebordet ind i mappen 'Local' i Geneious. Klik på 'Alignment' i næste dialogboks da data er alignet. Klik herefter på ikonet 'Tree', og stamtræet er færdigt til analyse. Hvis der står grenlængder på stamtræet, kan de fjernes ved at fjerne flueben i 'Show Branch Labels' til højre for stamtræet. Klik derefter på den knude der forbinder 1 og 2 (*Limulus polyphemus*), og klik på 'Add Selection' under 'Species Delimitation'. Herefter klikkes på knuden der forbinder 3-6, og der klikkes 'Add Selection'. Dette gentages for 7-8 og for 9-13.

Stamtræet i figur 14 er fremstillet med p -afstande i stedet for antal mutationer. Derfor er afstandsinddelingen for neden sat til en streg der viser en forskel på 0,02 eller 2 %.

Når stamtræet skal analyseres, er de populationer som har fælles stamform (i samme farve), længst mod venstre i stamtræet; de der har størst genetisk forskel. Det vil sige at 1 og 2 udviser størst variation. Herefter, i faldende orden: 3-6, 9-13 som har samme variation og 7-8 der ikke udviser genetisk variation i den undersøgte sekvens.



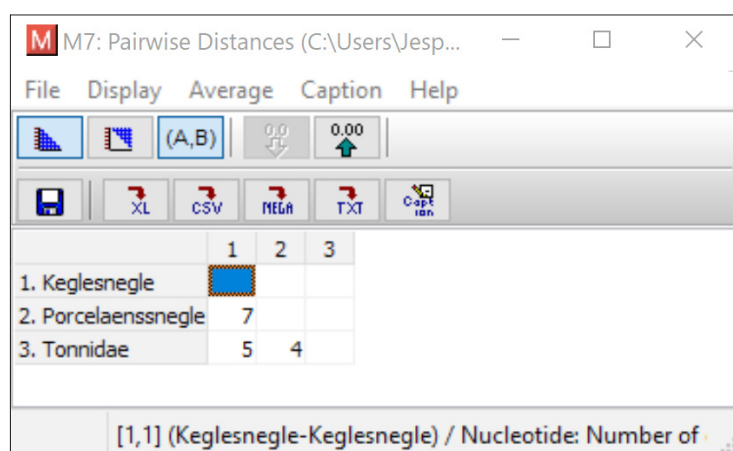
Figur 14. Stamtræer over dolkhaler. Opgave 3, august 2013.

Kopiering af data ind i sekvensanalyseværktøjer og efterfølgende visualisering i form af tegning af et stamtræ er en god måde at analysere sekvensdata på. Mange informationer som kan være svære at læse, når man ser på sekvensdata alene, kan analyseres ved at få data tegnet som stamtræer; svarende til at det giver et overblik over data at fremstille en graf over kvantitative data i en tabel.

Keglesnegle og conotoksiner

Man bliver i denne opgave fra maj 2017 bedt om: 'Angiv, hvilke to familier der er nærmest beslægtede. Inddrag figur 2. Begrund dit svar.' Figur 2 i opgaven viser et udsnit af sekvenser som kan gemmes som fasta-fil – i dette eksempel er filen kaldt keglesnegle.fasta. Danske specialtegn er ikke brugbare i en *.fasta-fil. Ret derfor 'Porcelænsnegle' til 'Porcelaenssnegle' i *.fastafilen. Herefter åbnes MEGA, og filen trækkes ind i programmet med musen. Vælg 'Analyze' i dialogboksen. Herefter skal der svares på hvilken type sekvens, det er – vælg 'Nucleotide Sequences' og tryk 'OK'. Det sidste spørgsmål man skal svare på, er om sekvensen koder for et protein. Til det spørgsmål svares nej.

Man kan først lave en afstandsmatrix og se hvor det laveste tal i antal forskelle er, og dermed finde ud af hvilke forskelle der er mellem de forskellige arter. Dette gøres som vist i eksemplet med de truede tigre. Resultatet fremgår af figur 15. Det ses at der er 4 forskelle i den aktuelle sekvens mellem *Tonnidae* og porcelænsnegle; der er 5 forskelle mellem *Tonnidae* og keglesnegle, og der er 7 forskelle mellem keglesnegle og porcelænsnegle.

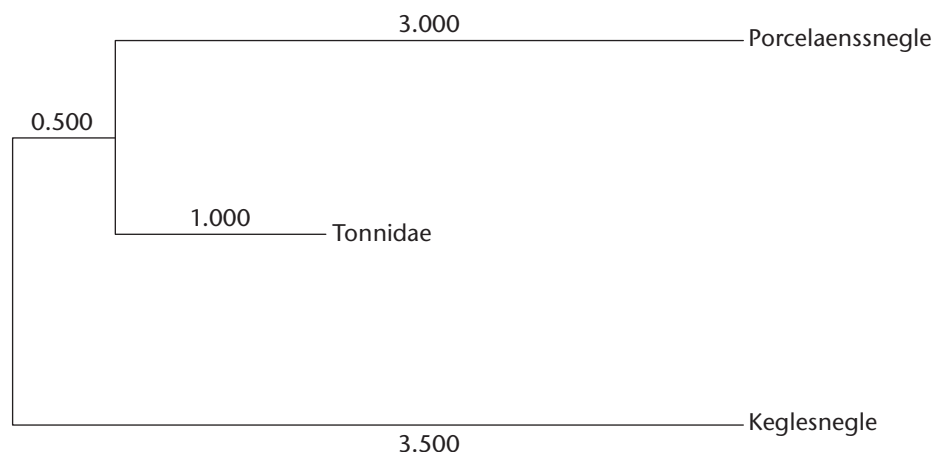


	1	2	3
1. Keglesnegle	0	7	5
2. Porcelaenssnegle	7	0	4
3. Tonnidae	5	4	0

[1,1] (Keglesnegle-Keglesnegle) / Nucleotide: Number of

Figur 15. Afstandsmatrix der viser forskelle i de viste sekvenser for snegle. Opgave 1, maj 2017.

Man kan også fremstille et stamtræ der viser forskellene. Hvis man vil have tegne et stamtræ, der viser de præcise forskelle mellem arter, bør man tegne et træ der ikke har en rod; fx et minimum-evolution-træ. Se 'Regn med biologi' side 78 og 'Supplerende materiale 4.1'. Vælg derfor 'Phylogeny' → 'Construct/Test Minimum-Evolution tree...'. Træet ses på figur 16.



Figur 16. Stamtræ der viser snegles afstammingsforhold. Opgave 1, maj 2017.

Den korteste afstand mellem to taxa (porcelænsnegle og *Tonnidae*) er 4 forskelle i den udvalgte sekvens; udregnet ved at lægge de to længder sammen (3+1). Afstanden fra porcelænsnegle til keglesnegle er 7 (3+0,5+3,5). Afstanden mellem keglesnegle og *Tonnidae* er 5 (3,5+0,5+1). Derfor er porcelænsnegle og *Tonnidae* tættest beslægtet med kun 4 forskelle.

Kender man sine sekvensanalyseprogrammer godt, er det en meget hurtig måde til at løse eksamensopgaver hvori der indgår sekvenser. Fordelen er at man ikke behøver at frygte, at man tæller forkert i en sekvens, og man kan nemt visualisere forskelle og derved argumentere for et rigtigt svar på opgaven. Udfordringen er at man skal have styr på fasta-formatet, og man skal have styr på sit sekvensanalyseprogram.

Fasta-filer

Sekvenserne kan kopieres ind i Notesblok eller Brackets og gemmes som fasta-filer som beskrevet i dette dokument.

Opgave 2. Truede tigre, 2006

>Sibirisk_Tiger

```
GCACCGTACCCCCCTCACTTTGTGGCACCTCTATATAATGCTACTAGGCTGCCG
```

>Sydkinesisk_Tiger

```
ACGCCGCACTCCCTCCGCTTTGTGGCATCTCTACATGATGCCATCAAGCCACTG
```

>Indokinesisk_Tiger_1

```
GTACCGCACCCCCCTCGCTTTATAGCACTTCTATATAATGCTACTAGGCTGCTG
```

>Indokinesisk_Tiger_2

```
GCGCCGCACCCCCCTCGCTTTGTGATATCTTTACGTAATGCTACTAGGCTGCCG
```

>Sumatra_Tiger

```
ACGCCGCACCCCCCTTCGCTTTGCGGCGTCTCTACATAACGCCATTAGGTTGCTG
```

>Bengalsk_Tiger

```
GCGCCGGACCCCCCTTGCTCTGTGGCATCTCTACATAACGTCATTAGACTGCTG
```

Opgave 1. Keglesnegle og conotoksiner, 2015

>Keglesnegle

GACTGCTTTAAGGTTGTTGATTC

>Porcelaenssnegle

GACAGCCCTTAGTTTATTAATTC

>Tonnidae

TACAGCTTTAAGTTTATTAATTC

Opgave 3. Dolkhaler, 2013

>1

TTTTA TAGTT ATACC TGTA TAATC GGAGG ATTTG GAAAC TGACT TATTC CTC

>2

TTTTA TAGTT ATACC TGTA TCATC GGAGG ATTTG GAGAC TGACT TATTC CTC

>3

TTTTA TAGTA TTACC TGTA TAATT GGAGG TTTTG GTAAT TGATT AACCC CAT

>4

TTTTA TAGTA ATACC TGTGA TAATT GGAGG TTTTG GTAAT TGATT AACCC CAT

>5

TTTTA TAGTA ATACC TGTGA TAATT GGAGG TTTTG GTAAT TGATT AACCC CAT

>6

TTTTA TAGTA ATACC TGTA TAATT GGAGG TTTTG GTAAT TGATT AACCC CAT

>7

TTTTA TAGTA ATACC AGTA TAATT GGAGG TTTTG GTAAC TGACT AACCC CAT

>8

TTTTA TAGTA ATACC AGTA TAATT GGAGG TTTTG GTAAC TGACT AACCC CAT

>9

CTTTA TAGTA ATACC AGTA TAATT GGGGG TTTTG GAAAC TGATT AACTC CCT

>10

CTTTA TAGTA ATACC AGTA TAATT GGGGG TTTTG GAAAC TGATT ACCTC CCT

>11

CTTTA TAGTA ATACC AGTA TAATT GGAGG TTTTG GAAAC TGATT AACTC CCT

>12

CTTTA TAGTA ATACC AGTA TAATT GGAGG TTTTG GAAAC TGATT AACTC CCT

>13

CTTTA TAGTA ATACC AGTA TAATT GGAGG TTTTG GAAAC TGATT AACTC CCT

Kilder i kronologisk rækkefølge efter udgivelse:

Opgavekommissionen i biologi: 'Opgave 2. Truede tigre' fra *Biologi A (stx)*
– *Vejledende opgavesæt 2 – maj 2006*, Undervisningsministeriet, 2006.

Opgavekommissionen i biologi: 'Opgave 2. Endosymbiose' fra *Biologi A (stx)*
– *Vejledende opgavesæt 1 – Efterår 2012*, Undervisningsministeriet, 2012.

Opgavekommissionen i bioteknologi: 'Opgave 3. Dolkhaler' fra *Bioteknologi A (stx)*
studentereksamenssæt 22/8 2013, Undervisningsministeriet, 2013.

Opgavekommissionen i biologi: 'Opgave 3. Genetisk variation hos kron dyr' fra *Biologi A (stx)*
studentereksamenssæt 3/6 2013, Undervisningsministeriet, 2013.

Opgavekommissionen i biologi: 'Opgave 2. Den afrikanske elefant' fra *Biologi A (stx) studentereksamenssæt 1/6 2016*, Undervisningsministeriet, 2016.

Opgavekommissionen i biologi: 'Opgave 1. Keglesnegle og conotoksiner' fra *Biologi A (stx) studentereksamenssæt 24/5 2017*, Undervisningsministeriet, 2017.

Opgavekommissionen i biologi: 'Opgave 2. Giraffer' fra *Biologi A (stx) studentereksamenssæt 31/5 2018*. Undervisningsministeriet, 2018.